

Figure 1

1/74

	1		50
HCV-1	1a	ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG	
HCV-J	1b	-----A-----G-----C-----	
HCG9	1c	-----G-----C-----	
BNL1	1d	-----G-----C-----	
BNL2	1d	-----G-----C-----	
CAM1078	1e	-----G-----C-----A-A-----	
FR2	1f	-----G-----C-----C-----	
HC-J6	2a	-----A-----G-----C-----A-A-----	
HC-J8	2b	-----A-----G-----C-----A-A-----A-----	
S83	2c	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
NE92	2d	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
FR4	2f	-----A-----G-----CT-----A-A-----T-----	
BNL4	2e	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
BNL5	2h	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
NZL1	3a	-----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----	
HCV-TR	3b	-----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----	
NE48	3c	-----ACT---A---C---G---C---A-A-----T-----	
NE274	3d	-----ACT---A---C---G---C---A-A-----T-----	
NE145	3e	-----ACT---A---C---G---C---A-A-----GT-----	
NE125	3f	-----ATT-----G-C-CC-----A-A-----ACC-----	
Z4	4a	-----G-----C-----	
Z1	4b	-----A-----G-----C-----	
GB358	4c	-----G-----C-----	
DK13	4d	-----G-----C-----	
GB809	4e	-----T-----G-----C-----	
BNL7	4k	-----G-----C-----	
BE95	5a	-----G-----C-----A-A-----	
HK2	6a	-----ACT---A---C---G---C---A-A-----	
FR1	7a	-----ACT---A---C---G---C---A-A--T--T-----	
VN4	8a	-----ACT---A---C---G---C---A-A-----T-----	
VN13	8b	-----ACT-----G-----C-----A-----	
VN12	9a	-----ACT---A---C---G---C---A-A-----A-----	
NE98	10a	-----ACT-----A---G---C---A-A-----N-----	

09851138.050901

Figure 1 -continued

2/74

		51	100
HCV-1	1a	TCGCCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG	
HCV-J	1b	C-----T-----C--T-----	
HC-G9	1c	C-----T-----C-----C----	
BNL1	1d	C----T--K-GS--NNNNNNN-----	
BNL2	1d	C-----N-----T-----	
CAM1078	1e	C-----C--T--C-----	
FR2	1f	C-----T--A-----G--G-----G-----	
HC-J6	2a	-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----	
HC-J8	2b	C-----T-----C-----C-----	
S83	2c	C-----C--T--C-----C-----	
NE92	2d	C-----C--T--C-----C-----	
FR4	2f	-----T-----C-----C-----C-----	
BNL3	2e	C-----C-----C-----C-----	
BNL5	2h	C-----T-----C--T--C-----C-----	
NZL1	3a	-----A-----	
HCV-TR	3b	-----A-----T-----C-----A-----	
NE48	3c	-----C-----	
NE274	3d	-----T-----C-----C-----	
NE145	3e	-----G--A-----T-----C-----C-----	
NE125	3f	C-----C--T--G-----	
Z4	4a	C-----CAT-----A-----T--C-----C-----	
Z1	4b	-----CAT---T--G--A-----C-----C-----C-----	
GB358	4c	C-----CAT-----T-----C--T--C-----C-----	
DK13	4d	C-----AT-----T-----C-----C-----	
GB809	4e	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----	
BNL7	4k	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----	
BE95	5a	-----C--T-----C-----	
HK2	6a	-----AC-----C-----	
FR1	7a	-----TAT-----C-----C-----	
VN4	8a	C-----C-----	
VN13	8b	-----	
VN12	9a	-----AT---T-----C-----	
NE98	10a	C--G-----T-----A--C-----	

0551138-050901

Figure 1 - continued

3/74

101150

HCV-1	1a	TTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA
HCV-J	1b	-----C-----C-----G-----T--G
HC-G9	1c	-----C-----C-----G-----T--G
BNL1	1d	-----C-----C-----GNN-----T--G
BNL2	1d	-----C-----C-----G-----C--G
CAM1078	1e	-C--G--C-A-----AG--C-G
FR2	1f	-----C-----G-----G
HC-J6	2a	-A-----C-----G-----A--G
HC-J8	2b	-----C-----C-----G-----A--G
S83	2c	-A-----C-----G-----G
NE92	2d	-A-----CC-G-----G
FR4	2f	-----C-----G-----C-A--G
BNL3	2e	-----C-----G-----G
BNL5	2h	-A-----CC-G-----G
NZL1	3a	-A--G-----AC-----C-T
HCV-TR	3b	-A--TG--C-----T-----AC-----AGTAC-T
NE48	3c	-A--G-----CT-----T--AC-T
NE274	3d	-C-----AC-----A-----AGTTC-T
NE145	3e	-A-----AC-----A--TC-T
NE125	3f	-A--G-A-----AC-----AGT-C-T
Z4	4a	-----C-----G-----TC--
Z1	4b	-----C-----CC-G-----AG-TC-G
GB358	4c	-----C-----G-----T--G
DK13	4d	-----G-----T--G
GB809	4e	-----G-----TC-G
BNL7	4k	-----C-----G-----TC-G
BE95	5a	-----GA-----TC-G
HK2	6a	-----CC-G-----
FR1	7a	-----C-T-----
VN4	8a	-C-----C-----GC-C-----
VN13	8b	-----C-T-----G
VN12	9a	-C-----A-----AC-T-----G
NE98	10a	-----G--C-A--A-----CCAG-----T--AGT-C-C

Figure 1 - continued

4/74

		151		200
HCV-1	1a	AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA		
HCV-J	1b	-----T--A--G--A--A-----		
HC-G9	1c	-----C--G--G-----T-----		
BNL1	1d	-----A-----T--C--G--A-----		
BNL2	1d	-----G-----T-AC--G--A-----T--T--		
CAM1078	1e	-----G-----T--G--G--C--A-----T-----		
FR2	1f	-----C--A--G--A-----		
HC-J6	2a	-----G-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--		
HC-J8	2b	-----T-----A--C--G--G--T--AC-----C-----C-----G--		
S83	2c	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--		
NE92	2d	--A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----		
FR4	2f	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--		
BNL3	2e	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--		
BNL5	2h	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--		
NZL1	3a	--A-----T--A-----A--G-----C--AC-----A-----		
HCV-TR	3b	-----G-----CAAACAG-----C--T-----		
NE48	3c	-----A--G-----C--CGC--G-----		
NE274	3d	--A-----AG-----C--CAACC--G--G-----		
NE145	3e	-----A-----A-----C--C--AC--G--A-----T-----		
NE125	3f	--AT-----C--AC--G--G-----		
Z4	4a	-----G-----T--C--G-----A-----		
Z1	4b	-----G-----A-----T--C--G-----		
GB358	4c	-----G-----T--G-----		
DK13	4d	-----G-----T--G--G--C-----		
GB809	4e	-----G-----T--G--G--C--A-----		
BNL7	4k	-----G-----T--G-----C--A-----		
BE95	5a	-----G--A-----C--T--AC--G-----T-----		
HK2	6a	-----A--C--G--CA-----C--G--C--A-----A--A--		
FR1	7a	-----C-----A-----C--G--A-----C--G--C-----C--A--A--		
VN4	8a	-----T--A-----C--G--CA-----G--C--A--A--A-----		
VN13	8b	--A-----T--A-----C--G--CA--G-----C--A-----A--G--		
VN12	9a	-----G--A-----C--GG--CA-----G--C--A--A--A-----		
NE98	10a	-----CA-----G--C--A--C-----G		

09851138.050901

Figure 1 - continued

5/74

		201		250
HCV-1	1a	GGCTCGTCGGCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGC		
HCV-J	1b	-----C-----T-----		
HC-G9	1c	---C--C--A-----A--T-----G-----		
BNL1	1d	-----Y--Y-----T-----		
BNL2	1d	-----C-A-T-----T-----NN-----A--C-T--C-----		
CAM1078	1e	--AG--C--A-----T-----		
FR2	1f	-----C--A-----T-----T-----A-----		
HC-J6	2a	--A---G--CT--ACT---AAT-----GAA-A--A--A-----C-----		
HC-J8	2b	A-A---G--CT--ACC---A-T-----GAA---A--A--T-----		
S83	2c	A-A---G--CA--ACT---A-T-----GAAG---A--A-----		
NE92	2d	A-A---G--C---ACT---A-T-----GAA-A--A--A-----		
FR4	2f	A-A---G--CG--ACT---A-T-----GA-GT--A--A-----		
BNL3	2e	A-A---GN-NG--ACT-----T-----GA-GT--A--A--T--C-----		
BNL5	2h	A-A---G--CT--ACT---AAT-----GA-GT--A--A-----		
NZL1	3a	---G-----AG---A--C--T-----		
HCV-TR	3b	-----CTC--G-----C--T-----		
NE48	3c	---G-----TGG-----AC--T-----G-----		
NE274	3d	---A-----AG-----C--T-----T-----		
NE145	3e	---A--C--C--AG--GA--AC--T-----G-----T-----C-----		
NE125	3f	---A--C--AAG-----C--T-----C-----T-----		
Z4	4a	---G--C-A---A-----AT-----G-----		
Z1	4b	---G--C---T-----T-----		
GB358	4c	---A-----AT-T-----A--T-----A-----		
DK13	4d	---G--C-AA-T-----T--T-----T-----T-----		
GB809	4e	---G--C--AT-----AT-----G-----T-----		
BNL7	4k	---G-----AT-----A--T-----A-----A--A--T--A-----		
BE95	5a	---G--C-A---AC---C--T-----G--A-----		
HK2	6a	---G--C-A---C-----CA-----A-----		
FR1	7a	--TA--C-A---GACA---C-T-G-----G--A-----C-----		
VN4	8a	A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C-----		
VN13	8b	--TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C-----		
VN12	9a	--TG--C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C-----		
NE98	10a	---G--C--AA-----T-----		

09851138.050901

6/74

Figure 1- continued

		251	300
HCV-1	1a	CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC	
HCV-J	1b	-----C-----TATG-----A-----A---	
HC-G9	1c	-----C-----T-----C---	
BNL1	1d	-----N-----C---	
BNL2	1d	-----A-----C---	
FR2	1f	-----CT--C-----A-----C--T	
HC-J6	2a	----A--C--G-----ACT--C--A-----C---	
HC-J8	2b	----G--C--A--C-----T--C-----T-----C---	
S83	2c	----G-----G-----CT--C--A--G-----C---	
NE92	2d	----G--C--G-----CT--C--A--G-----C---	
FR4	2f	----G--C--G--C-----CT--C--A--G-----C---	
BNL3	2e	----G-----G--C-----GCT--C--A-----C---	
BNL5	2h	----G-----G--C-----CTT--T--A-----T--C--T	
NZL1	3a	-----T--C-----A--G-----C--A	
HCV-TR	3b	-----C--G--A-----T--T--A-----T--C---	
NE48	3c	-----C--T-----C---	
NE274	3d	-T--T-----T-----A-----T--C---	
NE145	3e	-----T--C-----A--G--T-----T	
NE125	3f	-----G-----T-----A-----	
Z4	4a	-----A--G-----T	
Z1	4b	----T--C-----T-----A--G-----C---	
GB358	4c	-T--T--C--T-----T-----A--T	
DK13	4d	----T--C-----A---	
GB809	4e	----T--C-----T-----A--G-----C--T	
BNL7	4k	-T--T--C--T-----T-----ANN-----T--C---	
BE95	5a	----T--C--C-----CT-----A--G-----G--C--C--T	
HK2	6a	-T--T-----A--C-----T-----A--T-----C---	
FR1	7a	----T-----C-----A-----C---	
VN4	8a	-T--T-----A-----T--T-----A--C-----C---	
VN13	8b	-T--T-----G-----T--T--C-----A--G-----C---	
VN12	9a	----T-----G--C-----C-----G-----T--C---	
NE98	10a	----A-----G-----A--G-----C--G	

00851138.050901

7/74

Figure 1 - continued

		301	350
HCV-1	1a	CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG	
HCV-J	1b	-----T-----	
HC-G9	1c	--C-----T-----TT-T-----G-----A--	
BNL1	1d	--C-----	
BNL2	1d	--C-----	
FR2	1f	--C-----C--T-----AT-----A-----A--A--	
HC-J6	2a	--A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--	
HC-J8	2b	--C--G-----T--CT-----C-----A--A--A--	
S83	2c	--C--T-----C--TCA-----C-----A--AA-----	
NE92	2d	--A--G-----C--GTCA-----A--T-----AC-----A--	
FR4	2f	--G-----C--CTCG-----A-AC-----AC-----A--	
BNL3	2e	--A-----	
BNL5	2h	--A-----	
NZL1	3a	--C-----C--T--ATC-----A-AT-----G-----C--	
HCV-TR	3b	-----T-----C-----T-----A-AT-----A--C--	
NE48	3c	--C--T-----G-----A-AT-----A--A--C--	
NE274	3d	--C-----ATCT-----AT-----A-----T--	
NE145	3e	--C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--	
NE125	3f	-----C--C-----T-----A-AT-----A--A--	
Z4	4a	--C-----ATCT-----A-AT--T-----G--A-----	
Z1	4b	--C--T--CA-----GTCT-----AT--T-----C--	
GB358	4c	-----A--GTCT-----A-AT--T-----A-----C--	
DK13	4d	-----GTCT-----G-AT--T-----G-----C--	
GB809	4e	--C--G-----GTCT-----T-AT--T-----G-----C--	
BNL7	4k	--C--T----	
BE95	5a	--A-----AT-----AT-----A-AA-----	
HK2	6a	--C-----C-----ACAT-----AT-----C-A--C--	
FR1	7a	--C--G-----T--AT-----AC-----A-----C--	
VN4	8a	--C-----C--A-AT-----A-AC-----G-----C--	
VN13	8b	-NC-----C--AT-----T-AT-----N-G-----C--	
VN12	9a	-----C--GGA-----N--AT-----N-G-----C--	
NE98	10a	--C-----	

0055133.050901

8/74

Figure 1 - continued

		351		400
HCV-1	1a	CAATTTGGGTAAGGTCATCGATAACCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA		
HCV-J	1b	T-----A-----		
HC-G9	1c	-----C-----T-----		
FR2	1f	-----A-----T-----T-----		
HC-J6	2a	---CG-----A-----T-----		
HC-J8	2b	-----C-GA-----A-----T-T-T-----		
S83	2c	---C-----A-----T-T-----		
NE92	2d	---C-----T-----T-----		
FR4	2f	---C-----C-----T-----T-S-----		
BNL3	2e	-----N-NT-----		
NZL1	3a	-----A-----A-----A-----		
HCV-TR	3b	---C-T-----A-----T-A-----		
NE48	3c	-----A-----G-----		
NE274	3d	---CC-----A-----A-----A-----T-----		
NE145	3e	-----C-T-C-A-----G-----T-----		
NE125	3f	---C-----C-----T-A-----T-----		
Z4	4a	---C-----G-----		
Z1	4b	T---C-----A-----G-----T-----		
GB358	4c	---C-----A-C-----T-----		
DK13	4d	---C-----A-T-----		
GB809	4e	---CC-----A-A-----		
BE95	5a	T-----A-----A-----T-----		
HK2	6a	G-----A-----T-G-----T-----		
FR1	7a	---C-----A-N---NC-A-----		
VN4	8a	---C-----A-----C-----T-----		
VN13	8b	---CC-----T-N-S-----		
VN12	9a	---CC-----C---C-T-----		

9/74

Figure 1 - continued

	401		450
HCV-1	1a	TGGGGTACATACCGCTCGTCGGCGCCCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC	
HCV-J	1b	-----T-----T-----C--A--G-----	
HC-G9	1c	-----C-----T-----A--G-----A--T	
FR2	1f	-----T-----C--A--G-----T---AA--	
HC-J6	2a	-----C--TG---A-----G--C--C---TC-----A--T	
HC-J8	2b	-----C--TG---T-----GG-----TC-----A--T	
S83	2c	-----CG---T---T---CG---C---T-----A--	
NE92	2d	-----C--TG-----AG---T--T--TC-----A--T	
FR4	2f	-----TG-----G--G--C---T-----A--	
BNL3	2e	-----N--CG-T-----GG-G--C--G-TN-----	
NZL1	3a	-----C-----T---G-A-----TC--A--A---	
HCV-TR	3b	-----T-----G-G--G---TC--A--A---	
NE48	3c	-----T-----CG-G--G---T---A-----	
NE274	3d	-----T-----T---G-A--G---TC--A--A--T	
NE145	3e	-----T--T-----T--GG-A-----TC--G-----	
NE125	3f	-----T-----T--T---CG-A--G---TC--A-----	
Z4	4a	----A-----C--A---G-----CG-G--G---TC-----T	
Z1	4b	----A-----T-----A-----G-G--T---TC-----	
GB358	4c	----A-----C-----A-----CG-G--T---TC-----	
DK13	4d	----A-----C--G---A-----CG-G--T---TC-----A---	
GB809	4e	----A-----C-----T--A-----CG-G--T---TC-----A---	
BE95	5a	-----T--C-----A---G---CA---G---TC--A-----T	
HK2	6a	-----T--CG---G---G---T-G--C---TC--GGCT--G	
FR1	7a	-----C--TG--C-A--A-GG--G-----C---T---GGCT---	
VN4	8a	-----T--C--TG---A-----T--GW-G-----TC--GGN----	
VN13	8b	-A-A-----T--	
VN12	9a	---A-----C--TG---T-----C-----T---GGC--AA	

10/74

Figure 1 - continued

451500

HCV-1	1a	CTGGCGCATGGCGTCCGGGTTCTGGAAGACGGCGTGAACATGCAACAGG
HCV-J	1b	-----A-----T-----G-----
HC-G9	1c	-----A-----T--TA-A--C-----T--C-----
BNL1	1d	-----
BNL2	1d	-----
FR2	1f	---N-A-----T-----C---N--G-----TNNNNNNNNNNNN
HC-J6	2a	--C-----GA-A--C-----G-----G--T--T-T-----
HC-J8	2b	-----A--C--T--TA---C-----G-----GA-A--T--C-----
S83	2c	--C--C-----G--GA-----G-----GA-A--T-----G--
NE92	2d	--C-----GA-A-----GA-A-----
BNL3	2e	--C---N-----G---C---G-----GA-A--T---N-----
FR4	2f	--C-----G---C---G-----GA-A--T-----
BNL4	2g	-----G--A--T-----
BNL5	2h	-----GA-A-----C-----
BNL6	2i	-----GA-A-----
NZL1	3a	--C-----GA---CC--T-----GA-A--T--TC-----
HCV-TR	3b	--C--T-----T--GA---CA--T-GG-----A-----
NE48	3c	--C-----GA---C--T--G-----GA-T---TC-----
NE274	3d	--C--A-----T--GA-A-CC--T--G-----AA-A--T--TC-----
NE145	3e	--C--A--C--G--AA---C--C--G-----AA-A--T--T-----
NE125	3f	--A--A-----T--GA---C--T--G-----AA-A--T-----
Z4	4a	-----A---C-G---G-----GA-T-----
Z1	4b	-----A---CCG---G-----AA-T---C-----
GB358	4c	-----A--C--T--TA---C-G---G-----GA-C--T---G-----
DK13	4d	-----A---C-----G-----G--C--T-----
GB809	4e	-----A--C--T--TA---C-G-----GA-C-----C-----
BNL7	4k	-----GA-C--T--T-----
BNL8	4k	-----GA-C--T-----
BNL9	4k	-----GA-T--T-----
BNL10	4k	-----GA-C--T-----
BNL11	4k	-----GA-T--T-----
BNL12	4l	-----GA-C--T-----
BE95	5a	--C--A--C--T--GA---C--T--G-----G--A-----
HK2	6a	--C--A-----GA---CAA-C--G-----GA-C--T-----
FR1	7a	-----TA---CAA-C--G-----G--C--T--C-----
VN4	8a	T-----G---AN--NCA-C--G-----N--A--T--C-----N
VN12	9a	----NA-----T---A---CCA-C--G-----GA-A-----
NE98	10a	-----AA-T--T--TC-----

11/74

Figure 1 -continued

		501		550
HCV-1	1a	GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT		
HCV-J	1b	---T--G--C-----CT-A--TT---G---		
HC-G9	1c	-----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C--		
BNL1	1d	---T-G--C-----CT---TT---G--C--		
BNL2	1d	---TT-G-----CT-A--TT-T--G--C--		
FR2	1f	N-----N-----NN-----CT---NT-A-----		
HC-J6	2a	---T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C--		
HC-J8	2b	---TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A--		
S83	2c	---TT-G--C-----T--CT-----CT-G---		
NE92	2d	---T-G--C-----C--T-----T-AT-----A---		
BNL3	2e	-----C-----C--T-----TNGT---T--T--G---		
FR4	2f	---T-G--C-----C--T-----T-G-----T--CT-G---		
BNL4	2g	---T--G-----T-GT---T--T--G---		
BNL5	2h	---T--G--C-----C--T-----T-G-----T--A--C--		
BNL6	2i	-----G-----C--T-----T-A-----T---		
NZL1	3a	---T-G--C-----C--T-----T--T--T-----		
HCV-TR	3b	---T-----C--T-----T-----C--C--T--CT---C--		
NE48	3c	---TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT---A--		
NE274	3d	---TT-A--C-----T-G--T--TT-----		
NE145	3e	-----C-----T-----T-G--T--T-----G--A--		
NE125	3f	---TT-G--C-----C--T-----T--T--CT---A--		
Z4	4a	---T-----C-----T-----A--T--T--G--		
Z1	4b	-----T-----T--A--T-----G--		
GB358	4c	---T-----C-----T-CT---A--T--T--G--		
DK13	4d	---T-----C-----CT---A-----G--		
GB809	4e	---T--C--C-----C--T-----CT---A--T-----G--		
BNL7	4k	-----C--C-----C--T-----CT---A--C-----G--		
BNL8	4k	-----C-----T-----CT---A--C-----G--		
BNL9	4k	---T-----C-----C--T-----CT---A--T-----G--		
BNL10	4k	---TA-----C-----Y--T-----Y--A--T-----G--		
BNL11	4k	---Y--C--C-----T-----CT---A--T-----G--		
BNL12	4l	-----C--C-----A-C-----A--T-----G--		
BE95	5a	---TT-A--C-----TA---T--T--T-----G--		
HK2	6a	---T--C--C-----T-----A--A-----G--		
FR1	7a	---T-----C--T-----CT-A--A---T-A--G--		
VN4	8a	---T-----C--NN-----N-----N--CT---A--T-----G--		
VN12	9a	---T-----WCT---A--T-----G--		
NE98	10a	---TT-A-----TT--T-----A--		

09851138.050901

12/74

Figure 1 - continued

		551	600
HCV-1	1a	GCTTGA	CTGTGCCCCGCTTCGGCCTACCAAGTGCGCAACTCCACGGGGCTT
HCV-J	1b	-T-----	CA-C--A-----C--T---G-G-----GTGT-C---A-A
HC-G9	1c	--C----	A-C--T-----GT-GG-----TT-----G-G
BNL1	1d	-----G--T--	AA-KA-C--TC--G-G-----G-AT-C---G-G
BNL2	1d	-----G--T--	AA--A-C--TC-TG-G-----G-AT-C---G-A
FR2	1f	--C-C--A--C--	A-C--T-----TG-G---A--G-A-A--C-ATGGC
HC-J6	2a	--A-C--CACC--	G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
HC-J8	2b	--G-C--A-----	A-TG--T--AGTGG---CA-G---ATT-GTTCTAGC
S83	2c	--A-CT-----	A-T---C---GTGG-G---CAAGG--A--GGC-ACTCC
NE92	2d	-TA-C-----	G-TC--C-G--TG--G---CAAG---A---GCA-CTC-
BNL3	2e	-TG-C--C-----	T-TC--T-N-GTTG-G---CAAA--TA---GTCA-GCC
FR4	2f	-TA-C--C-----	TG--T---ATA--G---TAAG---A---GCCACT-C
BNL4	2g	-TG-C--C-----	T-TC--T---GTG--G---TAAG---A---GTACCA-G
BNL5	2h	-TC-C-----	G--G--C---TGTG--G---CAAG---A---GCCACTC-
BNL6	2i	--A-C--C-----	G-TC--T---GTG-----TGCG---CG--GT--TTC-
NZL1	3a	-----A-T-CAT--	A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
HCV-TR	3b	-----TGC-----	G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
NE48	3c	-----GTCTGT--	T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
NE274	3d	-----GTCTGT--	T---G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
NE145	3e	-----CT-TGC--	T--AGTC-GG-TGG-G--T-----G-AT-C--T--C
NE125	3f	-----GT-TCC-----	AG---GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A
Z4	4a	--C-C-----	T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT-----CA-C
Z1	4b	--C-----AACA--	A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT-----CG-C
GB358	4c	--C-----	T--A-C-----GT-A-CTAT-----TG--T-----CA-C
DK13	4d	--C-----	T-----A-CTAT-----AG-T-----TG-C
GB809	4e	--C-C-----	T-----G---G-GTTA-CTAT-----TG-TT-----CG--
BNL7	4k	--C-----	C-----AT-A-CTAT-----TGT-T-----CA--
BNL8	4k	--C-----	T-----ATTA-CTAC-----A--T-----CA-C
BNL9	4k	--C-----	C-----ATTA-CTAC-A---A--T-----CA-C
BNL10	4k	-TC-----	C-----ACTA-CTAT-----GT-T-----CA-C
BNL11	4k	--C-----	C-----AC-A-CTAC-----TGT-T-----CA--
BNL12	4l	--C-----	C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T-----CA--
BE95	5a	-TC-----C--T--	G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--
HK2	6a	--C-C--AAC---	A-----TCTTACCTACG-----GT-----A
FR1	7a	--C-C--ACA--A--	C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C
VN4	8a	--C-T--AACA--	A--C--C--GGCG--TTATAC----AAGT-T--C--G
VN12	9a	--C-C--CAC---	T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G
NE98	10a	-----CT-ACA---	A--AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C

Figure 1 - continued

		601		650
HCV-1	1a	TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC		
HCV-J	1b	-----T-----G--C--C---T-C-----A-----T-----A--		
HC-G9	1c	-----T-----C--TG--TCCG-----A---A		
BNL1	1d	--T--T-----C--C--TT-C-----C--CA-C--T---AT--A		
BNL2	1d	--T--TC-----C--TT-C-----C--CA-C--T---AT-AG		
FR2	1f	-----T-----T-----C--TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA		
HC-J6	2a	---ATG--G-----C--C---A-C--TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA		
HC-J8	2b	---T---C---T-----T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-		
S83	2c	---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A		
NE92	2d	---ATG--A-----C---AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG		
BNL3	2e	--TATG-CA-----C--C---T-C---AAC--C--C--A-GGC-ATT--N		
FR4	2f	---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG		
BNL4	2g	---ATG-CA-----C--TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA		
BNL5	2h	--TATG--G-----T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA		
BNL6	2i	---ATG--G-----T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A		
NZL1	3a	---GT-C-T-----C--C--TT-C--TAGC-----T-----C-A		
HCV-TR	3b	--TGTGC-T-----C--C---T---TGG---C-----C-A		
NE48	3c	---ATAC-----C--TT-G---AGC--C--A---T-----C-A		
NE274	3d	---GTGC-----C--C---T---GGC-----C-----T-----CC-		
NE145	3e	---ATGC-----C--T-A---AGC--C--A--A--T-----A		
NE125	3f	---ATAC-T-----C--C---T---AGC--C--C-----T-----T-A		
Z4	4a	--T---A-----T-G--T--C-----A--C--T--A--T-A		
Z1	4b	--T--T-----A-C--C--A-----A---A		
GB358	4c	--T---A-----C---G-----C--A-----A-C-A		
DK13	4d	-----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A		
GB809	4e	--T---A-----C--C---G-TG---C--A-----A-C-A		
BNL7	4k	---T-T-----G-T-A-C--A-----T-----C-A		
BNL8	4k	-----C-----G-----C--A--T--T-----C-A		
BNL9	4k	--T--TA-----C--C---G-T-A-C--A-----T-----C-A		
BNL10	4k	-----T-----C---G-T-A-C--A-----T-----C-A		
BNL11	4k	-----T-----C---G-T-A-C--A-----TT-----C-A		
BNL12	4l	-----C--C---G-----C--C--A-----T--T-C-A		
BE95	5a	--T--T--T-----A-----TTCC--A--C--T-----A-A		
HK2	6a	-----TC---A-----C-----C--C--C---CTG-----A		
FR1	7a	-----TC-T-----C---T-G---AAC--C--C--T-TT-----A		
VN4	8a	-----TC-----C--C---C---AGC--C--C--T--T-----A		
VN12	9a	--T--TC-A-----C-----C--TAGC--C-----T-----AA		
NE98	10a	---ATG--A--T--C--C---AG---GGT-----C-----T-----C-G		

095138 050901

Figure 1 - continued

14/74

	651	700
HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTGCGTCCCTTGCGTTTCGTGAGGGCA
HCV-J	1b	G--CATG---A-----C--C-----G--C-----C--G---A-T-
HC-G9	1c	GA-CCTG---A----TCTG--C-----T--G--C-A---A--C-----
BNL1	1d	--G-ATG---A----TAC--A-----G--C-----G---AT-
BNL2	1d	T-G-ATG---T-----G-C--A-----T--G--C-----G---AA--
FR2	1f	G--CAT-----T-----G--T-----N--G--C---A-A--G--A----
HC-J6	2a	G-C---TG---C---GTC--C-----G---AGAAA-T---G-
HC-J8	2b	T--C--AG-T--C--TCT---T--A-----A--T-AGAA---TAATG
S83	2c	A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----T-AG---ACC-C--
NE92	2d	G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----
BNL3	2e	G--C--GG-G--T--TGT---T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G
FR4	2f	G--C--GG-G--C--TGT---T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-
BNL4	2g	G-GC--GG-G--T--TGT---T--A--T-----G--T-AGTTGC-----
BNL5	2h	G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-
BNL6	2i	G--G---G---T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--
NZL1	3a	T---T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C----
HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAACC----
NE48	3c	-C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-
NE274	3d	T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA----
NE145	3e	A---TG-----TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C----
NE125	3f	TA---T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-
Z4	4a	-C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-
Z1	4b	GC-CCA---A---TTG--A-----T---C--T--G--GAC--AG-
GB358	4c	GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-
DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-
GB809	4e	-A--CA---T-A---CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-
BNL7	4k	-C--CA---T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-
BNL8	4k	-C-CCA---T-----CT--A--T-----G--C-----GA-AACT--G-
BNL9	4k	-C--CA---T---TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
BNL10	4k	-C--CA---T-AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
BNL11	4k	-C--CA---T-----CT--A--A-----G--C-----GAAA-----A-
BNL12	4l	-C--CA---T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-
BE95	5a	TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-
HK2	6a	T-C-ATG---T---TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG
FR1	7a	GACCATG--A-----TCT--A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-
VN4	8a	GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--
VN12	9a	T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC----
NE98	10a	G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT----

09851138.050901

1 5 / 7 4

Figure 1 continued

		701	750
HCV-1	1a	ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT	
HCV-J	1b	-TTT---CC-T--C-----A--C-C--T--C---C-C--GG-----A-C	
HC-G9	1c	-----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----	
BNL1	1d	--CATCTCC-C--C---A-----C-C-----C---C-T--GGT--AAA-Y	
BNL2	1d	--T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C	
FR2	1f	-TAT---CC-T--C-----AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC	
HC-J6	2a	-TA-A--TC----C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G	
HC-J8	2b	G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AAC-C	
S83	2c	---T---TC-A-----C--G-TG---C-ATC-C-----TA--TC-A	
NE92	2d	--ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A	
BNL3	2e	GTCGG-TCCAC-----A-CC---CT-G--C-ACA-A--GTG--CA-A	
FR4	2f	-TAGGA-CTTC-----ACA--G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA	
BNL4	2g	-TAAG--CC----C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G	
BNL5	2h	-TCAG--TC-C--C---A-AC-TG---A--C-AT-----GTG--CC-A	
BNL6	2i	--A----CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A	
NZL1	3a	-TA-A--T-C---C---ACCC-AG---A-----A-----AGT----T-C	
HCV-TR	3b	--CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC	
NE48	3c	--A--A---C---C---A-AC--G---T--G--A-----GGT---TC-C	
NE274	3d	--T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C	
NE145	3e	--A-A---GA---C---ACCC--GC---A--A-----AGT---AT-C	
NE125	3f	--CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--	
Z4	4a	--A-A---C-T--C---AC-C--G---G-----A-----TGT-GCAC-C	
Z1	4b	-TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--	
GB358	4c	-TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C	
DK13	4d	--AAG--T-CA--C-----T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--	
GB809	4e	--CAG---C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C	
BNL7	4k	-TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL8	4k	-TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL9	4k	-TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C	
BNL10	4k	--CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL11	4k	-TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL12	4l	--A-T---C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA	
BE95	5a	-T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC	
HK2	6a	-TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--	
FR1	7a	-T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT----C--CT-A---GT-CCCA-C	
VN4	8a	-TCAA--CC-----C-----CA-GCCT----G--CC-----AGTGCC-A-C	
VN12	9a	--CTGA-C-A-----C--T--GCCT----G--AT----GGTGCA-A--	
NE98	10a	-TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG	

Figure 1 - continued

	751	800
HCV-1	1a	GGCAAACCTCCCCGCGACGCGAGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCGG
HCV-J	1b	A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T---C---T---
HC-G9	1c	TCGCGCG-----TC-GTG--G-----G---GTG-----CTC-A-----
BNL1	1d	-CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G---CT-----T---
BNL2	1d	-CT--TG-----TA-TG--GCAA-C-----C--TG-----CT---G--T---
FR2	1f	-CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G-----G---C--C--C--G--
HC-J6	2a	CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G----GAT
HC-J8	2b	C--GGTGCG-T-A-TCGTAGC--G--ACA--G---CA--A-C--AAT
S83	2c	CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G--GCA-----A-CA-C--GAT
NE92	2d	CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C
BNL3	2e	CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C--GAT
FR4	2f	CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T---ACCA-C--GAT
BNL4	2g	CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C--GAT
BNL5	2h	CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C--T-C
BNL6	2i	CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C
NZL1	3a	-T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA----TG-G--C--AT-A--A--
HCV-TR	3b	CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G---A----G--A--
NE48	3c	-T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G---G-G-----G--G--
NE274	3d	-CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA----TG-G-----G--G--
NE145	3e	-CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A---G-G---T---A-----
NE125	3f	CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--
Z4	4a	CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--
Z1	4b	CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--
GB358	4c	AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA----TG-G-----A-G--A--
DK13	4d	CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--
GB809	4e	-T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A--
BNL7	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G--CT--A-G--G--
BNL8	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA---TG-G-----A-G--G--
BNL9	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCCT-G--GA---TG-G-----A-G--G--
BNL10	4k	AC-GCGGCG--GCTTGA-TCC--G--GA---TG-G-----A-G--G--
BNL11	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA---TG-G--G--A-G--G--
BNL12	4l	CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--
BE95	5a	CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--
HK2	6a	-CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T----CG--
FR1	7a	TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C--A---G-A--C--C--C--T--
VN4	8a	-CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G--
VN12	9a	-CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G--
NE98	10a	CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G---A--A-G--G--

09851138-050901

17/74

Figure 1 - continued

	801		850
HCV-1	1a	GAGCGCCACCCTCTGTTCGGCCCTCTACGTGGGGGACCTATGCGGGTCTG	
HCV-J	1b	-GCG--TG-T-----C--TA-G-----T-----T--C-----A--C-	
HC-G9	1c	-GC---TG-GT-----TA-G--T--A-----C--CA	
BNL1	1d	-G-NN---GT-----C--TA-G-----R-----T-----	
BNL2	1d	--CA---G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-	
FR2	1f	-GCA---GTGT---C--A--A-G--A-T-----T--T---GGC-	
HC-J6	2a	-TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-	
HC-J8	2b	-GCA--T---GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-	
S83	2c	-TCT--T---GG-----T-----T--T-----G-G--T--CG-GC	
NE92	2d	ATC---T---GT-T--C--T-----G--A-A--A-----G--T--CG-G-	
BNL3	2e	-TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-	
FR4	2f	-TC-----C--T-----A--A-A-----CG---	
BNL4	2g	-GT---T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-	
BNL5	2h	-TCT--T---G---C--A--TT-G--T-----C--T-C-----CG-A-	
BNL6	2i	-TC-----GT---C--T--T-G--T-----	
NZL1	3a	CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T--G---	
HCV-TR	3b	CGCACGACAA--G-----G--G-----C-----GCT-T---G---	
NE48	3c	T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T-----G-A-	
NE274	3d	AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-	
NE145	3e	C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T-----G-C-	
NE125	3f	TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G---	
Z4	4a	CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--	
Z1	4b	TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-	
GB358	4c	TGC---T--TGCG--C--C--T--T--A-C--A-----G-----TGGC-	
DK13	4d	CG-----T-----C--C-----A-C--A--G-G--T--GG--	
GB809	4e	TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT	
BNL7	4k	-GC-----TG-T-----A-----T--A-C-----TT-R--T--YGGCT	
BNL8	4k	-GCT-----TG-T--C--A-----T--A-C-----TT-G--T--CGGCT	
BNL9	4k	-GCG-----TG-----A-----T--A-C-----TT-G--T--CGG--	
BNL10	4k	AGCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----YT-G--T--CGGCT	
BNL11	4k	-GCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----T--G-----TGGCT	
BNL12	4l	TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--	
BE95	5a	AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A---GCG--T---G-AC	
HK2	6a	CGC---AGTGG-T--C--AT---G---A-C-----G--T--C---C	
FR1	7a	-GCA--GG-AT-T-----A-G--A-C--A-----C--T--TAGCA	
VN4	8a	CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC	
VN12	9a	TGCT--TG-GT---C--T--A-G-----C--T-----TGGGC	
NE98	10a	RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC	

T06050"GETT5860

18/74

Figure 1 - continued

	851	900
HCV-1	1a	TCTTTCTTGTCGGCCAACTGTTACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG
HCV-J	1b	-T-----C---TC---G-----A---TC-C---GT-TGA----
HC-G9	1c	----C-----T----GA-C-----A---T-----
BNL1	1d	----C--C-CT-----G--A-----T--A---C-CATG---CAT--A
BNL2	1d	----C-----G--A-----T--A---C-CTTGT---CAT--A
FR2	1f	----C--C--T--G---T-----A-GT--C---G--T-----
HC-J6	2a	-GA-G----CA-C---GA-----TTG----G--ACA--A-----TTT
HC-J8	2b	-GA-GA--C-ATCG--GGCT----TGG-A--A--ACAA-----AACTTC
S83	2c	-GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A---TAC-TTT
NE92	2d	-GA-GT-G-CTTCT--G-C---T-A---G---CA--AT--TAA-TTT
BNL3	2e	-GA-GA-A-CT-CA--GGCT----T-G-GG-A--G-A-----T-ACTTC
FR4	2f	-GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A--GCAATA---TACTTTT
BNL4	2g	-GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG----G--GCAA-AT---AACTTT
BNL5	2h	-GA-GT-G---TCT---T-T---TGA----C--TCA--A---ATCTTC
NZL1	3a	-----C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---
HCV-TR	3b	-G-----G--A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C
NE48	3c	-T--C--C--A--A---GCA-----A---AGA--C-A-----CA---A
NE274	3d	----CT-G--G--A--GGCT-----AGA--TC-T-AG---AAC---
NE145	3e	----C-----G--G--GGCC--T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T
NE125	3f	-T--C-----G-----GC-----T---AGAG-TC---AA--T-AT--C
Z4	4a	C---C--GA-G--G--GA--A---T--TCGG--GC-T-----C
Z1	4b	----C--A--G-----G-----GA--CGA--GC-C--G-----C
GB358	4c	-A---T-G--T--T--GA-----T-T---CAG--GC-----T
DK13	4d	-G--CT-G-----T-----CAA--TC-C-----C
GB809	4e	-A--CT-G--A-----A-----CAA--GC-A-----
BNL7	4k	-G--C--A-----T--GA-----T-T---CGA--A-----T
BNL8	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----TT-T---CGA--AC-A-----T
BNL9	4k	CG--CT-G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----C
BNL10	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----T-T--YCAG--TC-----T
BNL11	4k	-G--C--G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----T
BNL12	4l	C---C--A--G--G--GA-----CAG--GC-T-----T
BE95	5a	-A--CT-G--A-----A-----ATAGG--TC-C-AG---GCT---
HK2	6a	-----T-G-CG--A-----A-----TCAG---C-C--T--T-----T
FR1	7a	-AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT
VN4	8a	-T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT
VN12	9a	-----C--T--G--GT-----G---AGA-----ATGT-TGA--TC
NE98	10a	-A-----Y--G--GGG----T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T

19/74

Figure 1 - continued

	901		950
HCV-1	1a	ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG	
HCV-J	1b	GTA----A-----A-----CG--T-A-----	
HC-G9	1c	-----AC-----C-----C--A-----G-G--A-----T--	
BNL1	1d	-----G-AG-----C-----A---	
BNL2	1d	--A--G-AG-----C-----A---	
FR2	1f	GT---G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C-----C-----	
HC-J6	2a	GT-----AC-----C-----C--T--TACC--C--T--A-----	
HC-J8	2b	--C-----AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--C--T--	
S83	2c	GTC--G-AA-----C--T--C--A--C--G-----GC--T-----A-----	
NE92	2d	GTC--G-AC-----C--T--C--A--C--A-----C--C--T--A--T--	
BNL3	2e	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--T--A-----T--	
FR4	2f	GTC--G-AA-----C--A--C--A-----C--A--A--T--	
BNL4	2g	T-C--G-A-----T--C---	
BNL5	2h	GTC--G-A-----C-----G--A	
NZL1	3a	GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A-----C--TT-A--A--T--	
HCV-TR	3b	GT--GACG-----C-----G--A--C--A-----G--TT-A--A--T--	
NE48	3c	GTT--GCA-----C-----AC-G--C--A--T--G--TT-A-----T--	
NE274	3d	GT--GACC-----C-----AC-G--C--T--T--C--T--A--A--A--	
NE145	3e	GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A-----C--A--A--T--	
NE125	3f	GTC--GTTG-----C-----AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T--A	
Z4	4a	-----G-AG-----T--C-----CA-T-----C--C--C--A--	
Z1	4b	--C--G-A-----C-----C-----T--T--CG-CT-----C--A--	
GB358	4c	-----G-AC-----T--C-----CG-G--G--CG-T-----C--A--	
DK13	4d	--C-----AC-----T--C-----CA-A--A-----C--A--A--A--	
GB809	4e	--C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--	
BNL7	4k	--T-----A-----T--C---	
BNL8	4k	G-C--G-A-----T-----	
BNL9	4k	--C-----A-----C-----C---	
BNL10	4k	--C--G-A-----T--C---	
BNL11	4k	--C--G-AA-----T--C---	
BNL12	4l	GTC---AC-----C--T--C---	
BE95	5a	GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT-----G--T--C--C-----	
HK2	6a	GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C--C--C--A--	
FR1	7a	--C--G-A--T--C-----NA-CN-T-----CG-C-----A--A--	
VN4	8a	GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----	
VN12	9a	G-C--G-AC-----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----	
NE98	10a	GTC--G-AC-----C--T--C---	

050901 138 050901

20/74

Figure 1 -continued

		951	957
HCV-1	1a	CATGGCA	
HCV-J	1b	-----T	
HC-G9	1c	A-----T	
FR2	1f	NNNNNNN	
HC-J6	2a	-----G	
HC-J8	2b	-----	
S83	2c	-----T	
NE92	2d	G-----G	
BNL3	2e	-----G	
FR4	2f	A-----NN	
NZL1	3a	A-----T	
HCV-TR	3b	T-----G	
NE48	3c	G-----T	
NE274	3d	G-----T	
NE145	3e	-----	
NE125	3f	T-----T	
Z4	4a	G-----G	
Z1	4b	G-----C	
GB358	4c	G-----	
DK13	4d	A-----T	
GB809	4e	G-----T	
BE95	5a	G-----	
HK2	6a	G-----T	
FR1	7a	G-----	
VN4	8a	A-----	
VN12	9a	G-----G	

2 1 / 7 4

Figure 2

HCV1	1a	1	MSTNPKPQKKNKRNNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	50
HCV-J	1b		-----R-T-----	
BNL1	1d		-----R-T-----XXXXX-----X-----	
BNL2	1d		-----R-T-----X-----	
CAM1078	1e		-----R-T-----V-----A-----	
FR2	1f		-----R-T-----	
HCJ6	2a		-----R-T-----	
HCJ8	2b		-----R-T-----	
CH610	2c		-----R-T-----	
NE92	2d		-----R-T-----	
BNL3	2e		-----R-T-----	
FR4	2f		-----R-T-----P-----	
HCVTR	3b		---L---RQT---L---N---V---V---	
DK13	4d		-----R-T-----M-----	
CAM600	4e		-----R-T-----M-----	
GB809	4e		-----L-R-T-----M-----	
BNL7	4k		-----R-T-----M-----	
BE95	5a		-----R-T-----M-----	
HK2	6a		---L---R-T-----T-----	
FR1	7a		---L---R-T-----M-----	
VN4	8a		---L---R-T-----I-----	
VN13	8b		---L---R-T-----	
VN12	9a		---L---R-T-----M-----	
NE98	10a		---L---R-T---X---V---Q---V---	

2 2 / 7 4

Figure 2 - continued

		51	KT S E R S Q P R G R R Q I P K A R R P E G R T W A Q P G Y P W P L Y G N E G C G W A G W L L S P	100
HCV1	1a		-----M-----	
HCV-J	1b		-----X-X--S-----X-----	
BNL1	1d		-----D-----QSD-XX-----H-----	
BNL2	1d		-----E-----	
CAM1078	1e		-----S-----A-----	
FR2	1f		-----D--ST-KS-GK-----L-----	
HCVJ6	2a		-----D--ST-KS-GK-----L-----	
HCVJ8	2b		-----D--TT-KS-GR-----L-----	
CH610	2c		-----D--T-KS-GK-----L-----	
NE92	2d		-----D-XAT--S-GR-----L-----	
BNL3	2e		-----D--AT-KS-GR-----L-----	
FR4	2f		-----KQ-HL-----SR--S-----K--L-----	
HCVTR	3b		-----QL--S-----	
DK13	4d		-----T--S-----	
CAM600	4e		-----S--S-----	
GB809	4e		-----S--S-----X-----	
BNL7	4k		-----Q-T--S-G-----A--L-----	
BE95	5a		-----Q-Q--H-----	
HK2	6a		-----V-Q-T--S-G-----	
FR1	7a		-----V-HQT-----	
VN4	8a		-----V-HQT-----	
VN13	8b		-----A-----V-QNQ-----	
VN12	9a		-----S-----R--T--S-----	
NE98	10a			

Figure 2 - continued

23/74

		101		150
HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA		
HCV-J	1b	-----		
BNL1	1d	-----N---		
BNL2	1d	-----		
FR2	1f	-----N-----S-T		
HC-J6	2a	-----N--H--V-----V-----V---		
HC-J8	2b	-----T-----H-----R---I-----V---V---V---		
CH610	2c	-----H-----V---V---V---		
NE92	2d	-----H-----V---V---V---		
BNL3	2e	-----XX-----X-V---V---X---		
FR4	2f	-----N--H-----X-----V---V---V---		
HCV-TR	3b	-----N-----F-----V---V---		
GB116	4c	-----V---V---		
DK13	4d	-----N-----V---V---V---		
CAM600	4e	-X--X--N--X-----V---V---		
GB809	4e	-----N-----V---V---		
G22	4f	-----V---V---		
GB549	4g	-----V---V---		
GB438	4h	-----V---V---		
BNL7	4k	-----N-----		
BE95	5a	-----N--N---K-----G-I--V---		
HK2	6a	-----H--N-----V-----V-A-		
FR1	7a	-----N--N-----XXL-----VL-G---V-A-		
VN4	8a	-----N--N-----V---X--V-X-		
VN13	8b	X---N--N--X-----XX---IE--		
VN12	9a	-----D-X-N--X-----E--V-----V-AE		
NE98	10a	-----N-----		

09851138.050901

24/74

Figure 2 - continued

HCV1	1a	151	LAHGVRLVEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL	200
HCV-J	1b		-----I-----E---VS-I	
BNL1	1d		-----XT-HE---AS-V	
BNL2	1d		-----F-----TT-HE---AS-V	
FR2	1f		-X-----XG--XXXXX--X--XX--X-----T---E-HST-DG	
HC-J6	2a		-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG	
HC-J8	2b		-----I-----V--V--VE---ISSS	
CH610	2c		-----I-----S-----IS--V--VE-K-TSTS	
NE92	2d		-----I-----I--V-GL--K-TSSS	
BNL3	2e		--X-----I--X-----X-----V--V-XVE-K-TSQA	
FR4	2f		-----I-----I--V--I--K-NSHF	
BNL4	2g		-----V--V--V--K-TSTM	
BNL5	2h		--I-----V--K-TSHS	
BNL6	2i		--I-----I--V--V--A-RS-S	
HCV-TR	3b		-----A-G-----F---C---GLEYT-TS--	
GB116	4c		-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V	
DK13	4d		-----L-----NY---S-V	
CAM600	4e		-----AV---I-----T--VNY--AS-I	
GB809	4e		-----AV---I-----GVNY--AS-V	
G22	4f		-----AV---I-----VHYH-TS-I	
GB549	4g		-----AV---I-----QHY--IS-I	
GB438	4h		-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I	
BNL7	4k		--I-F-----INY--VS-I	
BNL8	4k		--I-----INY--TS-I	
BNL9	4k		--I-----INYH-TS-I	
BNL9	4k		--I-----I--X--X-----TNY--VS-I	
BNL10	4k		--I--X-----TNY--VS-I	
BNL11	4l		--I-----I-----QHY--VS-I	
BE95	5a		-----I-----VPY--AS-I	
HK2	6a		-----AI---I-----T---LTYG--S--	
FR1	7a		-----AI-----T---I--K-AS-I	
VN4	8a		-----XXI--X-----X--XX-X--X-----T---AHYT-KS--	
VN12	9a		-X---AI---I-----X-----T---LNYA-KS--	
NE98	10a		--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--	

09851138-050901

Figure 2 - continued

		201		250
HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD		
HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N		
BNL1	1d	-----S---I---MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX		
BNL2	1d	--L---S---I---MSGM---A-----N-S---MXL---L-VK-		
FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I---I-----PL---L-A-I		
HC-J6	2a	-M-----T-D--TWQLQA-V--V-----EKV--T---IPVS-N--VQX		
HC-J8	2b	-YA---S-N--TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKH		
CH610	2c	-M-----S---WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q		
NE92	2d	-M-----Q---WQLR--V--V-----EEK--I---IPVS-NI-VSQ		
BNL3	2e	-MA---S-N--WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK		
FR4	2f	-MA---A-D--WQLR--V--V-----E-S--RTF--T-VS-N--VSR		
BNL4	2g	-MA---S-N--IWQMOG-V--V-----ELQ--K---IPV--N--VNO		
BNL5	2h	-M-----S---WQLK--V--V-----E-HQ-Q---IPV--N--VSO		
BNL6	2i	-M-----S---WQLEE-V--V-----EWKD-T---IPV--NI-VSQ		
HCVTR	3b	-VL---S-G-----E-V--L-----TT--Q-S--TTVST---V-T		
GB116	4c	--I-----D-YH---L---L---V--Q-----L-----APY		
DK13	4d	-----T-DYH---L-----K-T---SL-----AQH		
CAM600	4e	--I-----A---TENH---L-----T-Q-----L-----SPY		
GB809	4e	--I-----A---TDNH---L-----KT-Q-----L-----SPY		
G22	4f	--L-----F--VHH---L-----T-Q-----L---L-APY		
GB549	4g	-----DHH-M-L-----T-T-----PL-----APY		
GB438	4h	-----DHH-M-L-----T-V-----IPL-----VPY		
BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY		
BNL8	4k	-----DHH---L-----T-Q-----L-----APY		
BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V-Q-S---L---I-APY		
BNL9	4k	-----DHH--AL-----V-Q-----L-----APY		
BNL10	4k	-----F--DHH---L-----K--H-----L-----APY		
BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T-----L-----API		
GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T-V---TPV-----AVS		
BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS		
HK2	6a	--L-----L--DAM---L---L---VDDR-T--H-V---L-IPN		
FR1	7a	--L---S-N---F--ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN		
VN4	8a	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN		
VN12	9a	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN		
NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T---IPVSX---VKS		

26/74

Figure 2 - continued

		251	300
HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCSVFLVGQLFTFS	PRRHWT
HCV-J	1b	SSI-T-TI---V-----A-A---M-----S-----	YE-
BNL1	1d	ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X-----A-----	M-H-
BNL2	1d	ANV-TAAI---V-----T-AFR--M-----	LYH-
FR2	1f	ANA-IDEV---V-----A-VF---M-I-----G-----	TS----
HC-J6	2a	PGALTQG--T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
NE92	2d	PGALTKG--T---TIIA---F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF	
BNL3	2e	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF	
BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A---V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A---F-----	
HCVTR	3b	LGVTIASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A---R---T-	
GB116	4c	VGA-LES--S-V-M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----	
DK13	4d	LNA-LES---V-M-G-----I--V-G-----Q-----	
CAM600	4e	AGA-LEP---V-M-A--M-----I-----GL-----M--Q-----	
GB809	4e	VGA-LEP---V-M-A--V-----GL-----M--Q-----	
G22	4f	LGA-LESM---V-M-T-----GI--A--M--R--L---	
GB549	4g	VGA-LESM---V-M-A--V-----I-----G-----M--R-----	
GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V-M-A-----I--H-G---A-MVS-Q-----	
BNL7	4k	IGA-LES--S-V-M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
BNL8	4k	IGA-LES--S-V-M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL9	4k	IGA-LES--S-V-M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----	
BNL9	4k	TAA-LES--S-V-M--A--V-----I-X---GL-----M-SXQ-----	
BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL11	4l	LSA-LMSV---V-M-A---S-----GA-----M--Q-----	
GB724	4x	VDA-LESF---V-M-A---V-----GA-----M--Q-----	
BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
FR1	7a	SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV	
VN4	8a	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV	
VN12	9a	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI	
NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

095138.050901

27/74

Figure 2 - continued

		301	319
HCV-1	1a	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
BNL1	1d	--E-----	
BNL2	1d	--E-----	
FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a	V-D-----T-----	
HC-J8	2b	--E-----Q-----	
CH610	2c	V-E-----X	
NE92	2d	V-D-----	
BNL3	2e	V-E-----	
FR4	2f	V-E-----X	
BNL4	2g	S-D-----	
BNL5	2h	V-D-----	
HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
GB116	4c	--D-----A--V-----	
DK13	4d	--D-----T-----	
CAM600	4e	--D-----T-----	
GB809	4e	--D-----A-----	
G22	4f	--E-----T-----	
GB549	4g	--D-----D-----	
GB438	4h	--D-----V-----	
BNL7	4k	--D-----	
BNL8	4k	A-D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL10	4k	--E-----	
BNL11	4l	V-D-----	
GB724	4x	--D-----T-----	
BE95	5a	V-N-----S--V-----	
HK2	6a	V-D-----T--V-----	
FR1	7a	--D-----XNX--V-----	
VN4	8a	V-E-----T-----	
VN12	9a	A-D-----A-----	
NE98	10a	V-D-----	

28/74

Figure 3

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNNCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTCACAACCTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCGGYCCGAGGGCAGGTCTTGGGCTCAGCCCGGGTATCCTTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCGGGNTGGCTCCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)

GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAACCTTGCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTTG
CTGTCTTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCAGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGCGTGCCCTGCGTTCCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTCGACTTGCTTGTGGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGRGACCTTTGCGGGTCTGTCTTCCTCGCTGGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCATGCACCATAACAACGCAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGNTCCCGGGTGGTGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACAGGAAGACTTCCGAGCGGTCGCAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCTC
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)

GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT
CTGTCTTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGACAGCCCCAGGG
TGTGTGCCCTGCGTTCCGGGAGAACAACCTCTTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGACGCCATGTGCACTTGCTGGTTGGGACAGCC
GCGTTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGTCTTCCTTGTGCGGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCTTGTAACATAACAACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGGCCCTAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTCGCAACCTCGTGGGAGGCGCCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

T06050" 3E15860

29 / 74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAACCTCGCGGAAGGC
GACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCTTGGGCTCAGCCTGGGTACC
CATGGCCCCCTCTATGCTAACGAGGGTGCAGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCTCGCG
GCTCCCGTCTTAGCTGGGGCCCCAATGACCCCCGACGTAGATCACGCAATTTGGGTAAGG
TCATCGATACCTTAACGTGTGGCTTCGCCGATCTCATGGGGTACATTCCGCTCGTTCGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCCTGNCACATGGTGTCCGGGTCTTGGNAGGCGGCGTGATNNN
NNNNNNNNNNAACCTTCCNGGTGCTCTTTNNCTATCTTCTCTTGGCNTTACTCTCTTGCCTCAC
AGTCCCCACCTCTGCCTATGAGGTGCACAGCACAACCGATGGCTACCATGTCTACTAATGACTGTTT
CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAAGGACATCATCCTTACACGCTTGGGTGNGTGCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTTGCTGGGTACCGCTACCCCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACGTGACCTCCTCGTGGGGGCAGCCGTGTTCTGCTCAGC
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGGCGTCTTCTCTGTTGGGCAATTGTTACCTTCACGTCCCC
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTTACTCTGGCCACATAACGGGGCCACCGNNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGNGNGCCACTGGCAGGTCTTGGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCCCTGTATGGGAAC
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)

ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGGTACATNCCCGTTGTGCGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGGCGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTNGTTGGCTCTTCTGTCTGTGCTACCGTGCTGTCTGNCGT
TGAGGTCAAAAATACCAGTCAGGCCTATATGGCAACCAACGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTCATGTTCTGATGTGTCCCTGCGAGAATAGCTCCGGTTCGGTT
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAAACCTGGTGCTCTACCAAGGGACT
GCGGGCACGCATTGATGCGCTCGTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTTCATCGTGGCACCAGCGCCATTACTTCGTCCA
GGAATGCAATTGCTCCATATAACCAGGCCACATTACAGGTCATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAACTAAAAGAAACACTAACCGTCGCCCCACAGGAC
GTTAAGTTCCCGGGCGGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGCGCCAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC
ATCCCCAAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCTTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCCCTGT
ACGGGAACGAGGGCCTCGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCGGGGCTCTCGCCCCCTCGTG
GGGCCCCAAACGACCCCCGGCACAGGTACGCAACTTGGGTAAGGTCATCGATAACCCTCACGTG
TGGCTTTGSCGACCTCATGGGGTACATACCTGTGCTCGGCGCCCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGGGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACCTTGCCCCGT
TGCTCCTTTTCTATCTTCTTGTGCTGGCTCTCTTGTCTTGTATCACCGTGCCCGTGTCTGCCATACAG
GTTAAGAACAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG
CTCAGGGACGCGGTGCTCCATGTTCTTGGATGTGTCCCCTGTGAGAGGTCAGGTAATAGGACCTTC
TGTTGGACAGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGCTCTCACTAGAGGTCTGCGG
GCTCACATTGATAACATCGTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTCGTCTACCGCAATACCATACTTTTGTCCAGGAA
TGCAACTGCTCCATATAACCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

3 0 / 7 4

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)

GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAATCTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGTGGCTCTT
CTGTCTTGTGTCACCGTGCCGTGTCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCA
ACCAATGACTGTTCCAACAACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCCCTGGA
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCAGGGCAATAAGTCCCGGTGCTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT
GTGAACCAGCCCCGGCGCCCTCACTAGGGGCTTGCAGGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCGCT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACTTTTCCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACTAACCGCCGCCCACAGGACGTT
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCCGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAACTTCCGAACGGTCCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAATCCTGGGGACGTCCAGGATACCCCTTGGCCCCTGTATGGGAAC
GAGGGCCTTGGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)

GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAATCTGCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGCTGGCCTTG
CTATCCTGTCTCACTGTGCCGGCGTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCATGTGAGAGGCACCAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAATGTGGCC
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTCACCAGGGGTTTGGCGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT
ACCGTCTGCTCAGCTTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC
ATGATCTCCCCTCAGCACCACATCTTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)

GACGGGATAAACTATGCAACAGGGAACCTGCCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG
CTTTCTTGCATCACCGTGCCGGTCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCCGTCTTACGTCCCTGGA
TGTGTTCCCTGTGAGTGGAAGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTCACCCCTAACATCGCT
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTGTGCGGTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCTTGTATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCCATGGACGTT
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACTCGGAAGACTTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGCGCGTCGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCTCTTTACGGTAAT
GAGGGTTGCGGGTGGGCANNATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)

GACGGGATCAATTTTGCAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCATTTACTATGTC
ACCAATGATTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGACCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGGTGGGGGCGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTTGTGTGGYGGCTTGTTCCTAGTCGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCAAGGCGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCCGCTTCGGCCATTAACCTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCACGTC
ACCAATGACTGCCCCGAACCTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACCACATCTTGACCTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAACTGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTTCTTGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATTAACCTACCGCAACACCTCGGGCATCTATCATATC
ACCAACGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGATCTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAATCAGTCAGTGTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCGGCC
ACTGTCTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGTCGTTCTTGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACCACCCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCYTTTTCTATCTTCCTTYTGGCACTT
CTCTCGTGTCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCACTAATCTATCGCAACGTCTCGGGCATCTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTAGCACTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAACCAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACACCGCGGCGCCGCTTGAGTCCCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC
ACTGTTTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGAYTTGTGTGGCGGCTTGTTCTTGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTYCAGCCTCGGCGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTGAGGCCGACCATCACATCTTGACCTTCCAGGA
TGCGTGCCCTGCGTGAAAGAGGGGAAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGATCTGTGCGGTGGCTTGTTCTTGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCATCCTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCACGTC
ACCAACGACTGCCCCGAACCTCCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACCAGGG
TGTTGATACCCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTTAAACCTACCGTGGCC
GCGCCATACACTTTCGGCTCCACTTATGTCCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
ACCCTATCGTCTGCCCTCTACGTTGGAGACCTCTGCGGGGGTGCCTTCCTAGTGGGGCAGATGTTT
ACCTTCCAGCCGCGTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGAAACACCAACCGTCGCCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTCGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGGGGTAGACGCCAACCTATACCG
AAGGTGCGTCACCAAACGGGCGGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCTCTTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTGGGGCCCTAAT
GACCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCATCGATACCCCTTACTTGNGGSTTCGCCGAC
CTCATAGAGTACATTCC

Figure 3 - continued

32/74

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCATCCGCCGCCACA
GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG
GGGCGCGCTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
TAGGCGCCAACCAATACCCAAAGTGCGCCACCAAACGGGGCCGTACCTGGGCCAGCCCGG
GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAAATGAGGGCTGTGGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC
CCGCGGCTCTCGCCCCAATTTGGGGCCCAACGACCCCCGGCGGAGGTCCCGCAACTTGGG
TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGGTATATCCCTGTCTAG
GCGCTCCGWTGGGAGGCGTCGCGGNGGCCTTGGCGCATGGGGTCANGGNCATCGAGGACGGNGTAA
ATTACGCAACAGNGAATCTTCCCGGNGCTCTNTCTCTATCTTNTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC
TTACAACACCAGCCTCCGCGGCGCATTTATACCAACAAGTCTGGCCTGTACCATCTCACCAACGACT
GCCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCACCTTGCTGGGTGTGTACCTT
GTGTGAAGRTGRACAATCAATCCCGGTGCTGGGTGCAGGCCTCCCCGACCCTGGCAGTGCCGAACG
CGTCTACGCCAGTCACCGGGTTCGCAAAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGTT
CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCTCGTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC
CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAACTGTTCCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAACACAAACCGTCGCCCAATGGATGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGTTCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTTACCGCGCAGGGGCCACGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGGTCCCAGGCCAGAGGTAGGCGCCAACCAATACCC
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCCCTTTATGGGAAC
GAGGGCTGCGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGGNCCCAAT
GACCCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTATCG
ACACCCTCACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCTGTTGGCGCCCCCT
TGGAGGCGTTGCGGCGGAACTGGNACATGGTGTGAGGGCCATCGAGGACGGGATAAACTATGCAAC
AGGGAATCTTCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTCGTGCCCTCACCACGCC
TGCCTCCGCACTAACTATGCTAACAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG
CAGCATTGTGTATGAGGCGAATGGCATGATCCTGCATCTCCCGGGTTGCGTCCCCTGCGTGAAGAC
CGGCAACCTGACCAAGTGTGGCTGTGCGCCTCCCCGACATTGGCGGTGCAGAATGCGTTCGGTGTG
CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTTCTGCTCTGCCATGTA
CGTGGGCGACTTATGCGGTGGGCTCTTTCTCGTTGGGCAGTTGTTACGTTTACAGCCAGGATGTA
TGAGATCGCCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAGAAATACTAACCGTCGCCCTATGGAC
GTCAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGC
CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
CGCCAGCCCATACCAAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC
CCTTGGCCCCCTTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGC
GGGTCTCGTCCTAATTGGGGCCCCAACGACCCCCGGCGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAAG
GTCATCGATAACCCTTACATNCGGNCTAGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCTAGGAGG
GCCGCTTGGCGGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGCATGGCGTTAGGGCAATCGAGGACGGGGTCAATTA
CGCAACAGGGAATCTTCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTCTTAGCACTGTTATCGTGCCCTCAC
TACACCAGCCTCAGCAATTCAAGTCAAGAACGCCTCTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC
GAACAACAGCATCGTTTTTGGAGCGGAGACCATGATACTGCATCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT
CAAGGCGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCCTGTCTCCCCACCTTAGCCGTCCCCAACTCATC
AGTGCCAATCCACGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGGCAGCGGCATTTTGTTCGGC
CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTACTTTACAGGCCTAA
GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAAGTCTATNAACNCTGGCCACGTCACGGGACACAGGAT
GGCA

33/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCAGGCGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACCACGCAGGGGGCCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCAGCAAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGCAGTAGGCGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCCCGGGTACCCTTGGCCCCCTATATGGGAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGCGGCTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)

GACGGAATTAATTTTCGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCTTTG
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGGAATCTACATGGTA
ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCGCC
GTGAAGTCGCCCTGCGCCGCCACCGCCTCTCTCCGCACGCACGTGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
ACCCTATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTGTYGGGCAGGGGTTT
TCATGGAGACATCGCCAGCATTTGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACATCGGGGGGCCCYCTAACCAATTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGTGACTACCAGCTGCGGCAA
CACCTTGACATGCTACTTGAAAGCCAGAGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTCGTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCGAA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACGTCGGGGGGCCCCCTAACCAATTC
AAAGGGGCAGAACTGCGGCTATCGTCGGTGTGCGGCTAGCGGCGTGTGACTACCAGCTGCGGCAA
CACCTTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCGTTATCTGTGAGAGCGCGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTCGAGGAATCAATCTACCAGTGCTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTATATCGGGGGTCCCCTAACCAATTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGTGACTACCAGCTGCGGTAA
TACCCTCACATGTTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACAAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCGTTATCTGTGAGAGTGCRGGAGTCGAGGAGGATGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCTTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA
GATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTGGGTGCGGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCAT
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCGAACCTCGTGGGAG
GCGCCAACCTATTCCCAAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGTCCTGGGCGCAGCCCGGGTA
CCCCTGGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGCAGGTNGGCTCCTGTCCCCCTCG
CGGCTCCCGTCTTAGTTGGGGTCTACTGACCCCCGGCGTAGGTACGCAATTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

34/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTCGGGGGGCCCTTGACCAATTC
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACCAGCTGCGGCAA
CACCCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGGCGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCTTGACAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCCGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTTGTGCTTATCTGCGAGATCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTCGAN
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACATC
AACCGCCGCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTCGGTGGAGTTTAC
CTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTGGGGCAGGG
TGGCTCCTGTCCCCCATGGCTCCCGGCCTAGTTGGGGCCCTTCAGACCCCCGGCGTAGG
TCGCGTAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACATGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGG
TACATTCCGCTCGTCGGCGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
CGGGATCTACCACGTCACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGTATGAGGCGGAAGG
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCGTTTTCCCCACGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT
TCGGCGACACGTCGACTTGCTTGTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCTCGTCGGCCAACCTGTTACCTTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTGAGGARTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCGGGGGCCCTCTCACC AACTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
CACCCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCCGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGAATGCACAAT
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCGTTATCTGTGAGAGTGCGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTCCTTACCCGA
GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGGCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT
GCTGGTGTGCGGCATGACCTAGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCGAGGAGGACGACCGGAA
CCTGANNNNN

3 5 / 7 4

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTACACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCCCGACTGCCATACATTCACTTAAGTGAAGAGACTTTACGTGGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCACGAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTGGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGCCCCGAACTGCCATACATTCACTGACTGAGAGACTTTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAGGGACAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGCATGGGGAA
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCCTGCAAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCACGAT
GCTGGTTTGTGGCGACGATCTGGTTCATCATCTCAGAGAGTCAGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTTCTTGATAAACCCACTCTATGCCCGGC
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGATCAT
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTTGCCNTGCAGGGG
NCCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCCAGCCACGTGGGAG
GCGCCAGCCCATCCCGAAAGATCGGNGCACCAGTGGCAAGTCTTGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAGGGTGCTCCTGTCCCCCG
GGGCTCCCGCCCGTCATGGGGCCCCACGGACCCCCGGCATAGGTGCGCAACTTGGGTAA
GGTCATCGATAACCTCACGTNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGGTACATTCCCGTCGTTGG
CGCCCCAGTAGGNGGCGTCGCCAGAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCTCGGAGGACGG
GATAAACTATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT
TCTGTCTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGGAAATCAAAAACACCAGMAACACATA
CATGGTGACTAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNGCGGGTGCT
TCACGTTCTTGATGCGTCCCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTCCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGCCCTAACCGAGGGTTTGCGATCGCA
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGCGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCATCGTCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT
CCAGGACTGTAAGTGTCCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCCTGTTCACTTCCCGA
GGAGGCCCCGAGCTGCCATACACTCACTAAGTGAAGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCCATGCAGAACAG
CAAGGGGCAATCCTGCGGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCAGTAGCATGGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCAGGCGGCCTGCAGGGCCGCGGGCATTTGTTGCACCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
CCTGAGACCT

36 / 74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 79 (FR18, 21)

CTCAACAGTCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
GGAGGCCCGGACTGTCATACATTGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCTGTGGATACAGGCGTTGTCGCGCCAGCGGGGTGTTACCACTAGCATGGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCACAAT
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACCGAGGAGGACGAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64, 3g)

CTCTTGACTCTACTGTCCTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCCGTTGCCGTGCTAGCGGTGTATTGCCCACTAGCT
ACGGTAATAACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCGAGCTGCGGGCCTTCAAGACC
CATCATTCCTTGTCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCGKCGTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8, 4k)

CTCCACTGTAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTGACCTGGAGCC
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGCCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACGACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTTTCGGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATAACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12, 41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAAGCCCGCAAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGRCTCTACTTGGGCGGCCCCATGTATAACAG
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGGAGCGGAGTGACACCACAAGTTTCGGGAA
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGCTACCAGGGCTGCAGGCCTAAAAGACTGCACCAT
GCTGGTCTGCGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCCGAGAGCGAGGGCGTAGAGGAGGATTCCCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81, 4m)

CTCCACCGTAACCGAAAAGGGACATCAGGGTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCGCAAAGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTAACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACCACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAAGGCCACGGCCGCTACCAGAGCGGCCGCTGAAGGATTGCACAAT
GCTGGTTTTCGGGGACGACCTGGTTCGTCATCGCAGAGAGCGATGGCGTGACGAGGACCGCCGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13, 7a)

CTCAACAGTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGCTGTAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTCAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCACCATCCTGGCCAA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTTCGTTATTTTCGGAGAGTTTGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 91 (VN4,7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCGACATCCRCACCGAGCAGCAGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
GGTGGCAGCGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCCATGATGAACTC
CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCACGAGCTTGCGCAA
TACCCTAACATGCTATTTGAAAGCACAAAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTCAAAAACATGACAT
GTTAGTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12,7d)

CTCCTCCGTACCGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
GGTAGCACGGAAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGCGGCCCCATGTACAACCTC
TCGAGGTCAATCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGGCTAGTGGTGTCTTACCACAAGCTTGCGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACCTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1,9a)

ATCCACAGTCACGGGGCGCGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCTGCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCCGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTGCGGGGGCCCTATGTACAACCTC
AAAGGGCCAACTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA
CACCATCACATGCTTCTGAAGGCAACCGCCGCTTGCCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGATTTGGTTGTCGTAACCTGAGAGTGCTGGAGTCAACGAGGATATCGCTAA
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98,10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAACTTTCCATCTTTTCCAGGCCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTTCACTCACGGAGCGGCTTTACTGTGGTGGTCTTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGAA
CACAATCACCTGTTACATCAAAGCAAAGGCAGCTACCAAAGCTGCCGGAATTAATAATCCATCATT
CCTTGTCTGCGGAGATGACTTGGTCGTGATTGCTGAGAGTGACAGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14,11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
AGAGGCCCCGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCACAAGCTTGCGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAGCGGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15,11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTAYYTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGAAAGGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAAGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCACAAGCTTGCGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCCAARGCAGCTTGTAAGCYGCTGGCATTGTTGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAGAGCAAGGGGGTAGAGGAGGACCAGCGAGA
CCTAC

Figure 3 - continued

38/74

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTTCTTGGATTAACCCACTCTATGCCCGGAGATTTGGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTGTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGTACTTGTGTCGCGCAGGGGCCCCAGAGTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCAGCCGCGTGGGAGGCGCCAACCTATCCCCAAGGTTAGGCGCACCAACCGGCCGT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)

CTCTACTGTACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYTATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACACACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCCAAGGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTTGACCCAGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSEERSQPRGRRQPI
KAXRXEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPNWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPXTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXXTFCSAMYVXDLGCVFLAGQLF
TFSPRMHHTTQECNCI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRDRRQPI
KARQSDGXXWAQPGHPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLTPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLCGSVFLVGQLF
TFSPRLYHTTQECNCI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVRAARKTSEERSQPRGRRQPI
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRGRRQPI
KARRPEGRSWAQPYPWPPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPT SAYEVHSTT
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDII LHTPGXVPCIREGNISRCWVPLPTLAARIANAPIDEVRRHVDL
LVGA AVFCSAMYIGDLCGGVFLVGQLFTFTSRRHWT
VQDCNCISIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRGRRQPI
KDRXATGRSWGRPGYPWPPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)

TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVPVSVXV
EVKNTSQA YMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVPGCVPCENS SGRFHCWIPISPNI AVSKPGALT KGL
RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMIAAQAFIVAPKRHYFVQECNCISIYPGHITGHRMA

39/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 18 (FR4, 2f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSEERSQPRGRRQPI
KDRRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLTCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNS
HFYMATNDCANDSIVWQLRDAVLHVPGCVPCERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGALTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDLCGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCISIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCSNNSIIWQMKGAVLHVPG
CVPCELQGNKSRWIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVCGAVMIAAQVV
IVSPQHNFSDQCNCISI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEFGGGRSLAEYTCARRGKLRRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNSSIVWQLKDAVLHVPG
CVP CERHQNSRCWIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF
MISPOHHIFVQDCNCISI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNSSIVWQLEEAHLHVPG
CVPCEWKDNTSRCWIPVTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDIIVASATFCSALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKEFGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSEERSQPRGRRQPI
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYYVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
GCVPCVREGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
GCVPCVRTGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP
GCVPCVRVGNQSSCWVALTPTIAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLCGGAFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)

DGINYATGNIPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILALPG
GCVPCVRVGNQSRCWVALTPTVAAPYTAAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGXLCGGLFLVGQMF
SXQPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)

DGINYATGXLPSCFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLP
GCVPCVKEGNHSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQECNCISI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)

DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHHILHLP
GCVPCVKTGNTSRCWVALTPTVAAPILSAPLMSVRRHVDLMVGAATLSSALYVGDLGGAFLVGQMF
TFQPRRHWTQDCNCISI

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPKVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXSRNLGKVIDTLTXXFADLIEYI

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPKPQRKTKRNTIRRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPKVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXSIXLLALLSCLTTPASAAHYTNKSGLYHLTNDPCNSSIVYEAE TLILHLPGCVPCVKXXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDIMVGAAAFCSAMYVGDLGCGGLFLVGQLFTLRPRMHQVVQECNCISIYTGHTGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQARGRRQPIPKVRQNOGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXSRNLGKVIDTLTCGFADLMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVRATEDGINYATGNLPGCSFSIFXLALLSCLTTPASALNYANKSGLYHLTNDPCNSSIVYEANGMILHLPGCVPCVKTGNLTKCWL SASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL LVGAAAFCSAMYVGDLGCGGLFLVGQLFTFRPRMYEIAQDCNCISIYAGHTGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIPKVRQPTGRSWGQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLADLMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNASGIYHLTNDCSNNSIVFEAETMILHLPGCVPCIKAGNESRCWLPVSPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDL LVGAAAFCSAMYIGDLGCSIILVGQLFTFRPKYHQVTQDCNC SXNXGHVTGHRMA

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPKPQRKTKRNTNXXRPQDVKEPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRSRRQPIPKRARRTEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRR

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLPGCVPCVRSGNTSRCWIPVSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMVXAATLCSALYVGDLGALFLXGQGF SWRHRQHWTVDQDCNCISI

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDL VICESAGVEEDAANLRA

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDL VICESAGVEEDAANLRV

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDL VICESAGVEEDAANLRV

41/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPI P
KERRPEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTLCXFAD
LMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIIYQCCDLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENGCGYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYIKALAAACRAAKLQDCTMLVCGDDL VVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIIYQCCDLDP EARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDL VVICEIEGXXEDPSXXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNINRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRRQPI P
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGGMGWAGWLLSPHGSRPSWG PSDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGVARALAQGFRL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEXSIIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDL VVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIIYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHCRASGVLTTS MG N
TITCYIKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDL VVISESQGVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MG N
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDL VVISESQGAEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MG N
TITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDL VVISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLXCRXPRXXCATXKTXEQSQPRGRRQPI P
KDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXD
LMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXN
TYMVTNDCSNXSITWQLXXAVLHVP GCVP CEREGNSSRCWIPVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDTI
VASATFCSALYIGDVCGAIMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNC SIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYLSLSCSLPEEARAAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MG N
TLTCYLKAAQAACRAAGIVAPTMLVCGDDL VVISESQGTERDENNL RP

42/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 80 (FR18, 21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMNSKGQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVISESQGTEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64, 3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLPSTSYGN
TITCYIKARAAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8, 4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDLVIASDGVVEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12, 41)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGELCGYRRCRASGVYTTSFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVIASEGVEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81, 4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVIASDGVDEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13, 7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCCKLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLTITILAN
TLTCYLKAQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVISESGLVSEDTSALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4, 7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCXGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLTITSLGN
TLTCYLKAQAACRAAKLKNYDMLVCGDDLVIASGGVSEDVDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12, 7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYLKAQAACRAXKLKNFDMLVCGDDLVIASGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1, 9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSQQLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLPSTSMGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVVVTEASAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98, 10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSLTERLYCGGPMFNSKGQHCGYRRCRASGVLPSTFGN
TITCYIKAKAATKAAGIKNPSFLVCGDDLVIASAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14, 11a)

STVTERDIRTEESIYLSQQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVISESXGVEEDQORDLRV

Figure 3 - continued

43/74

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQORDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKEPFGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRA TRKTSERSQPRGRRQPIPI
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQORDLRX

T06050" BETT5850

44/74

Figure 4. Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	1	50
HCV-1	1a		MSTNPKQKKKRNTRRPQDVKFPGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	
HCV-J	1b		-----R-T-----	
BNL1	1d	2	-----R-T-----XXXXX-----X-----	
BNL2	1d	6	-----R-T-----X-----	
CAM1078	1e	10/60	-----R-T-----V-----A-----	
FR2	1f	12	-----R-T-----	
FR16	1g	66	-----R-T-----I-----	
HC-J6	2a		-----R-T-----	
HC-J8	2b		-----R-T-----	
CH610	2c		-----R-T-----	
NE92	2d		-----R-T-----	
BNL3	2e	14	-----R-T-----	
FR4	2f	18	-----R-T-----P-----	
FR13	2k	76	-----R-T-----XC-X-XXXC-X-----	
EB1	3a		-----R-T-----I-----V-----C-----	
NZL1	3a		-----R-T-----I-----V-----	
HCV-TR	3b		-----RQT-----L-----N-----V-----	
GB358	4c		-----R-T-----M-----	
DK13	4d		-----R-T-----M-----	
CAM600	4e		-----R-T-----M-----	
GB809	4e		-----L-R-T-----M-----	
HPCCOREEZA	4?		-----T-----	G
HPCCOREZB	4?		-----T-----M-----	
HPCCOREZC	4?		-----M-----	
GB724	4?		-----R-T-----M-----	
BNL7	4k	28	-----R-T-----M-----	
BE95	5a		-----R-T-----M-----	
HK2	6a		-----L-R-T-----T-----M-----	
VN13	7a	46	-----L-R-T-----	
VN4	7c	44	-----L-R-T-----I-----	
VN12	7d	48	-----L-R-T-----M-----	
FR1	9a	42	-----L-R-T-----M-----	
NE98	10a	50	-----L-R-T-----X-----V-----Q-----V-----	
FR19	11a	104	-----RQT-----	V

45/74

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	51	core-v	100
HCV-1	1a		KT	SERSQPRRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP	
HCV-J	1b				
BNL1	1d	2		X-X-S-S	X
BNL2	1d	6		D-QSD-XX-H	
CAM1078	1e	10/60		E-S	X
FR2	1f	12		S-S	A
FR16	1g	66		S-S	M
HCV6	2a			D-ST-KS-GK	L
HCV8	2b			D-ST-KS-GK	
CH610	2c			D-TT-KS-GR	L
NE92	2d			D-T-KS-GK	L
BNL3	2e	14		D-XAT-S-GR	L
FR4	2f	18		D-AT-KS-GR	L
FR13	2k	76		D-XTT-KS-GR	L
EB1	3a			S-S	
NZL1	3a			S-S	
HCV-TR	3b			KQ-HL-SR-S	K-L
GB358	4c			S-S	
DK13	4d			QL-S	
CAM600	4e			T-S	
GB809	4e			S-S	
BNL7	4k	28		S-S	X
HPCCOREEZA	4?			S-S-F	
HPCCOREZB	4?			S-S	
HPCCOREZC	4?			S-S-K	
GB724	4?			S-S-A	
BE95	5a			Q-T-S-G	A-L
HK2	6a			Q-Q-H	
VN13	7a	46		V-HQT	
VN4	7c	44		V-HQT	
VN12	7d	48		V-QNQ	
FR1	9a	42		V-Q-T-S-G	
NE98	10a	50		S-R-T-S	
FR19	11a	104		V-TT	

46/74

T06050" BETTS860

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a		RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGAARA	
HCV-J	1b			
BNL1	1d	2	-----N----	
BNL2	1d	6	-----	
CAM1078	1e	10/60	-----X-----	
FR2	1f	12	-----N-----	S-T
FR16	1g	66	H-----S-----	V-----
HC-J6	2a		-----N-H-V-----	V-----
HC-J8	2b		-----T-----H-R-I-----	V-----
CH610	2c		-----H-----H-----	V-----
NE92	2d		-----H-----H-----	V-----
BNL3	2e	14/16	-----XX-----X-V-----	V-----
FR4	2f	18	-----N-H-----X-----	V-----
FR13	2k	76	-----H-----X-X-----	VX-V-----
HCV-TR	3b		-----N-----F-----	V-----
GB116	4c		-----	V-----
DK13	4d		-----N-----N-----	V-----
CAM600	4e		-X-X-----N-X-----	V-----
GB809	4e		-----N-----	V-----
G22	4f		-----	V-----
GB549	4g		-----	V-----
GB438	4h		-----	V-----
BNL7	4k	28	-----N-----	V-----
BE95	5a		-----N-N-K-----	G-I-V-----
HK2	6a		-----H-N-----	V-----V-A-----
VN13	7a	46	X-----N-N-X-----XX-----	IE-----
VN4	7c	44	-----N-N-----	V-----X-V-X-----
VN12	7d	48	-----D-X-N-X-----	E-V-----V-AE-----
FR1	9a	42	-----N-N-----XXL-----	VL-G-----V-A-----
NE98	10a	50	-----N-----	

Isolate	Type	SEQ ID	V1
HCV1	1a	151	LAHGVRLVDGVNYATGNLPGCSFIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL
HCV-J	1b		-----I-----E-----VS-I
BNL1	1d	4	-----XT-HE-----AS-V
BNL2	1d	8	-----TT-HE-----AS-V
FR2	1f	12	-X-----XG-XXXXX-X-XX-X-----T-----E-HST-DG
FR16	1g	66	-Q-F-D-
HC-J6	2a		-----F-----I-T-V-AE-K-ISTG
HC-J8	2b		-----I-----V-----VE-----ISSS
CH610	2c		-----I-----S-----IS-V-VE-K-TSTS
S83	2c		-----VE-KDTGDS
NE92	2d		-----I-----I-----V-GL-K-TSSS
BNL3	2e	16	-X-----I-X-----V-----V-XVE-K-TSQA
FR4	2f	18	-----I-----I-----V-----I-----K-NSHF
BNL4	2g	20	-----V-----V-----V-----K-TSTM
BNL5	2h	24	-----I-----I-----V-----K-TSHS
BNL6	2i	26	-----I-----I-----V-----V-----A-RS-S
FR13	2k	76	-----I-E-----S-----/I-X-V-VEIK-TXNT
BR36	3a		-----LEW-TS-
HCV-TR	3b		-----A-G-----F-----C-----GLEYT-TS-
Z4	4a		-----EHY--AS-I
GB809-4	4a		-----EHY--AS-I
Z1	4b		-----VHY--AS-V
GB116	4c		-E-----AV-----I-----S-----T-----VNY--AS-V
GB215	4c		-----IHY--AS-V
GB358	4c		-----VNY--AS-I
DK13	4d		-----L-----NY--S-V
CAM600	4e		-----AV-----I-----T-----VNY--AS-I
GB809-2	4e		-----AV-----I-----GVNY--AS-V
CAMG22	4f		-----AV-----I-----VHYH-TS-I
CAMG27	4f		-----VHYH-TS-I
GB549	4g		-----AV-----I-----QHY--IS-I
GB438	4h		-----AV-----I-----V-R-----QHY--AS-I
BNL7	4k	30	-----I-F-----IN-Y--VS-I
BNL8	4k	32	-----I-----IN-Y--TS-I
BNL9	4k	34	-----I-----IN-YH-TS-I
BNL10	4k	36	-----I-----I-X-----X-----TNY--VS-I

106050" SETTS860

BNL11	4k	38	--I--X-----	TNY--VS-I
BNL12	41	40	--I-----	QHY--VS-I
BE95	5a		--I-----	VPY--AS-I
BE100	5a			VPY--AS-I
HK2	6a		--AI--I-----	LTYG--S--
VN4	7c	44	--XXI-X--X-X-X-X--	AHYT-KS--
VN12	7d	48	-X--AI-I-----	LNVA-KS--
FR1	9a	42	--AI-----	I-K-AS-I
NE98	10a	52	--I-F-----	LT-TAGLEY--AS--

T06050" BCTTS860

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
HCV-1	1a		201			250
HCV-J	1b		YHVTNDCPNSSIVYEADAAILHTPGCVPCVREGNASCRCWAMTPTVAIFRD			
BNL1	1d	4	---	M-M---	S-F---	L-L-A-N
BNL2	1d	8	---	I-MDGM-M-Y---	D-HL---	L-L-VKX
FR2	1f	12	---	I-MSGM-A---	N-S---	MXL-L-VK-
HC-J6	2a		---	S-G---	K-I---	X-I---
HC-J8	2b		---	T-D-TWQLQA-V-V---	EKV-T---	IPVS-N-VQQ
CH610	2c		---	S-N-TWQLT-V-L---	ENDNGTLH---	IQV-N-VKH
S83	2c		---	S-WQLEG-V---	EKI---	PVS-N-I-Q
NE92	2d		---	S-WQLEG-V---	E-TA-V---	PVA-NL-ISQ
BNL3	2e	16	---	Q-WQLR-V-V---	E-EK-I---	IPVS-NI-VSQ
FR4	2f	18	---	S-N-WQLX-V-V---	ENSSGRFH---	IPIS-NI-VSK
BNL4	2g	20	---	A-D-WQLR-V-V---	E-S-RTF---	T-VS-N-VSR
BNL5	2h	24	---	S-N-IWQM-QG-V-V---	ELQ-K---	IPV-N-VNQ
BNL6	2i	26	---	S-WQLK-V-V---	E-HQ-Q---	IPV-N-VSQ
FR13	2k	76	---	S-WLEE-V-V---	EWKD-T---	IPV-NI-VSQ
BR36	3a		---	S-X-TWQLXX-V-V---	E---	IPV-X-XVSR
HCVTR	3b		---	S---	D-V---	I-QD-T-T-TPV---
24	4a		---	S-G---	E-V-L---	TT-Q-S-TTVST---
GB809-4	4a		---	I---	DHH-L---	MT-T-TPV---
Z1	4b		---	V---	TDHH-L---	A-V-TPV---
GB116	4c		---	T---	TEHH-M-L---	TE-T-PL---
GB215	4c		---	I---	DYH-L---	V-Q-L---
GB358	4c		---	I---	DHH-L---	V-Q-L---
DK13	4d		---	I---	TEHH-L---	V-Q-L---
CAM600	4e		---	I---	TDYH-L---	K-T-SL---
GB809-2	4e		---	I---	TENH-L---	T-Q-L---
CAMG22	4f		---	I---	TDNH-L---	KT-Q-L---
CAMG27	4f		---	L---	F-VHH-L---	T-Q-L---
GB549	4g		---	I---	F-EHH-L---	T-Q-L---
GB438	4h		---	---	DHH-M-L---	T-T-PL---
BNL7	4k	30	---	---	DHH-M-L---	T-V-IPL---
BNL8	4k	32	---	---	DHH-L---	Q-L---
BNL9	4k	34	---	---	DHH-L---	T-Q-L---
BNL10	4k	36	---	---	DHH-L---	V-Q-S-L---
BNL11	4k	38	---	---	DHH-AL---	V-Q-L---
			---	F-DHH-L---	K-H-L---	APY

T06050" BETT5860

BNL12	41	40	-----SDHH--L--KT--T--L-----API
GB724	4x		--I-----V--TDHH--L--T--V--TPV-----AVS
BE95	5a		-----DNL--A--MT--V--QI--LSAPS
BE100	5a		-----D-L--A--KD-V--QI--LSAPS
HK2	6a		--L-----L--DAM--L--L--VDDR-T--H-V--L-IPN
VN4	7c	44	-----ETL--L--KXX-Q--QAS--L-VPN
VN12	7d	48	--L-----NGM--L--KT--LTK--LSAS--L-VQN
FR1	9a	42	--L-----S-N--F--ETM--L--IKA--E--LPVS--L-VPN
NE98	10a	52	-M-----S-G--G-I--L--S--T--IPVSX--VKS

Isolate	Type	SEQ ID	V4		V5	
			251	300		
HCV-1	1a		GKLPATQLRRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVQLFTFSRRHWT			
HCV-J	1b		SSI-T-TI-V-----A-A-----M-----S-----YE-			
BNL1	1d	4	ASV-TXAI-V-----XX-F--M-X-----A-----M-H-			
BNL2	1d	8	ANV-TAAI-V-----T-AFR-M-----LYH-			
FR2	1f	12	ANA-IDEV-V-----A-VF--M-I-----G-----TS-----			
HC-J6	2a		PGALTQG-T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F			
HC-J8	2b		RGALTRS-T-V-MI-MA-A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF			
CH610	2c		PGFLTKG-A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF			
S83	2c		PGALTKG-A--II-M--V-----V--ALM-AA-VVV--QH-TF			
NE92	2d		PGALTKG-T---TIIA-F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF			
BNL3	2e	16	PGALTKG-AR-AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF			
FR4	2f	18	PGALTRG-A--TI-M-----I-----A-MIAA-A-IVA-K--YF			
BNL4	2g	20	PGALTRG-T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF			
BNL5	2h	24	PGALTRG-T---TI-A--V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF			
BNL6	2i	26	PGAXTKG-T---II-A--F-----			
FR13	2k	76	PGALTEG-S---TI-A--F-----I--V--ALMIAA-VVIV--EH-HF			
BR36	3a		VGATTASI-S-V-----A-M-----M-A-----A--R--Q-			
HCVTR	3b		LGVTTASI-T-V-M--ARQ-----AF-A-----A--R--T-			
Z4	4a		PGA-LESF--V--M-A--V--V-----GA-M-MI--R-----			
GB809-4	4a		MDA-LESF--V--M-A--V--V-----GA-M-MI--R-----			
Z1	4b		PNA-LESM--V--M-A--M--F-I-----G-----D-R-----			
GB116	4c		VGA-LES--S-V--M-A--V-----I-----G-----M-S-Q-----			
GB215	4c		IGA-VESF--V-MM-A--V-----I-----G-----M-S-R-----			
GB358	4c		IGA-LES--S-V--M-A--A--I-----G-----M-S-Q-----			
DK13	4d		LNA-LES--V--M-G-----I--V--G-----Q-----			
CAM600	4e		AGA-LEP--V--M-A--M-----I-----GL-----M--Q-----			
GB809-2	4e		VGA-LEP--V--M-A--V-----I-----GL-----M--Q-----			
CAMG22	4f		LGA-LESM--V--M-T-----I-----GI--A-M--R--L-----			
CAMG27	4f		IGA-LESM--V--M-T-----I-----GI--M-N-R--L-----			
GB549	4g		VGA-LESM--V--M-A--V-----I-----G-----M--R-----			
GB438	4h		LGA-L-SV-Q-V--M-A-----I--H-G--A-MVS-Q-----			
BNL7	4k	30	IGA-LES--S-V--M-A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----			
BNL8	4k	32	IGA-LES--S-V--M-A--V-----I-----GL-----M-S-R-----			
BNL9	4k	34	IGA-LES--S-V--M-A--V-----I-----GA-----M-S-R-----			
BNL10	4k	36	TAA-LES--S-V--M-A--V-----I--X--GL-----M-SXQ-----			
BNL11	4k	38	IGA-LES--S-V-VM-A--V-----I-----GL-----M-S-R-----			

52/74

T06050" BETT5860

BNL12	41	40	LSA-LMSV	--V--M--A--S--	--GA--	--M--Q--
GB724	42		VDA-LESE	--V--M--A--V--	--GA--	--M--Q--
BE95	5a		LGAVTAP	--AV--Y--A--G--A--	--A--AL--	--M--YR--Q--A--
BE100	5a		FGAVTAP	--AV--Y--G--A--	--A--AL--	--M--YR--Q--A--
HK2	6a		AST---	GF--V--A--A--VV--S--I--	--L--A--	--Q--
VN4	7c	44	AST-V	GF-K-V-IM--A--AF--M--	--GL--	--LR--M--QV
VN12	7d	48	ASVSIRGV	E-V--A--AF--M--	--GL--	--R--MYEI
FR1	9a	42	SSV-IHGF	--V--A--AF--M--I--	--II--	--R--KY--QV
NE98	10a	52	PCAATAS	--T--V--MM--XA--	--AL--X--G--SWRH--Q--	

5 3 / 7 4

T06050"8CTT5860

Isolate	Type	SEQ ID	V5	319
HCV-1	1a	16	301	TQGCNCSIYPGHITGHRMA
HCV-J	1b	18	V-D	-----VS-----
BNL1	1d	20	--E--	-----
BNL2	1d	24	--E--	-----
FR2	1f	26	V-D	-----S-----XXX
HC-J6	2a	28	V-D	-----T-----
HC-J8	2b	30	--E--	-----Q-----
CH610	2c	32	V-E	-----X-----
S83	2c	34	V-E	-----R-----
NE92	2d	36	V-D	-----
BNL3	2e	38	V-E	-----
FR4	2f	40	V-E	-----X-----
BNL4	2g	42	S-D	-----
BNL5	2h	44	V-D	-----
FR13	2k	46	V-D	-----P-X-----
BR36	3a	48	V-T	-----L-----LS-----
HCVTR	3b	50	V-T	-----VS-----
Z4	4a	52	--E--	-----T-----
GB809-4	4a	54	--D--	-----T-----
Z1	4b	56	--D--	-----VS-----
GB116	4c	58	--D--	-----A-V-----
GB215	4c	60	--D--	-----A-----G-----
GB358	4c	62	--D--	-----A-V-----
DK13	4d	64	--D--	-----T-----
CAM600	4e	66	--D--	-----T-----
GB809	4e	68	--D--	-----A-----
CAMG22	4f	70	--E--	-----T-----
CAMG27	4f	72	--E--	-----
GB549	4g	74	--D--	-----D-----
GB438	4h	76	--D--	-----V-----
BNL7	4k	78	--D--	-----
BNL8	4k	80	A-D	-----
BNL9	4k	82	--D--	-----
BNL10	4k	84	--D--	-----
BNL11	4k	86	--E--	-----
BNL12	4l	88	V-D	-----

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

T06050" BET5860

GB724	4x	--D----	T-----
BE95	5a	V-N-----	S-V-----
BE100	5a	V-D-----	S-V-----Q
HK2	6a	V-D-----	T-V-----
VN4	7c	V-E-----	T-----
VN12	7d	A-D-----	A-----
FR1	9a	--D-----	XX--V-----
NE98	10a	V-D-----	

44
48
42
52

5 5 / 7 4

T06050" B E F T S 8 6 0

Figure 5. NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a		CTCCACAGTCACTGAGAGCGACATCCGTACGAGGAGGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b		---A-G-----AT-----T-----AT-----T-----	
BE90	1b		N--A-----C-----A-----GTT-----T-----T-----	
BNL1	1d	53	---G-----T-----AT-----GTC-----AT-----A-----	
BNL2	1d	55	---G-----T-----A-----C-----RAT-----T-----	
FR17	1d	57	---G-----T-----A-----T-----GTC-----AT-----G-----	
CAM1078	1e	61	---A-G-----AGCT-T-----A-A-----T-C-A-----	
FR2	1f	63	N--A-----T-----T-----A-----T-C-----	
FR16	1g	67	NNNNNN-----T-----T-----GTC-----RT-----T-----	
HC-J6	2a		---A-C-----A-----A-G-T-----T-C-A-----T-GGG	
HC-J8	2b		---A-C-----G-----AA-A-A-A-----A-AT-C-A-----T-GG	
BNL3	2e	69	---G-----A-----A-T-AA-N-T-----T-C-A-----GG	
FR4	2f	71	---A-C-----A-----G-T-AA-A-T-----T-C-A-----TGG	
BNL5	2h	73	---A-----G-G-----A-----A-G-C-----T-C-T-----TTG	
FR13	2k	77	A-----A-----A-----A-AGTT-A-----T-CG-T-----T-TG-	
FR18	2l	79	---A-----G-----G-----A-G-AT-----T-C-A-T-----TGG	
T1	3a		---A-T-----ACAG-----A-GGT-----A-----AG-A-----	
T9	3b		---T-T-----ACAT-----A-G-----AG-A-----	
PAK64	3g	81	---T-T-----ACAG-T-----A-GGTA-A-A-A-----A-----	

5 6 / 7 4

T06050" 8ETTS860

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	7932	7981
GB116	4c		
GB215	4c		
GB358	4c		
GB809	4e		
GB549	4g		
BNL8	4k		
BNL12	4l	83	
EG81	4m	85	
CHR18	5a	87	
VN13	7a	89	
VN4	7c	91	
VN12	7d	93	
FR1	9a	95	
NE98	10a	97	
FR14	11a	99	
FR15	11a	101	
FR19	11a	105	

T06050" SETTS860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	7982	GTTGTGACCTCGACCCCCAAGCCCGGTGGCCATCAAGTCCCTCACCAG
HCV-J	1b		-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-G-----G-----A-----
BE90	1b		-----T-G-C-----G-G-----A-ACA-----A-----G-----A-----
BNL1	1d	53	-----T-G-C-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----
BNL2	1d	55	-----T-G-C-----Y-G-G-----AA-----A-----G-----
FR17	1d	57	-C-----T-G-C-----G-G-----AA-----A-----G-----
CAM1078	1e	61	-C-----GC-----G-----A-----T-----A-----TT-G-----T-----A-----
FR2	1f	63	-C-----T-A-----G-G-----T-----AA-----A-G-----A-----
FR16	1g	67	-C-----G-C-----G-G-----T-----A-----A-----G-----T-----
HC-J6	2a		C-----TC-T-GCC-GAGG-G-----A-ACT-----AC-C-----A-----G-----T-----
HC-J8	2b		C-----TCT-GCCT-AAG-----A-AACT-T-----AC-C-----G-----T-----
BNL3	2e	69	C-----TC-T-ACC-GAG-G-----A-AACT-----AC-C-----AT-G-----T-----
FR4	2f	71	CC-CTC-T-ACC-GAG-G-----GACT-----AC-T-----AT-A-----T-----
BNL5	2h	73	CC-CTC-T-ACC-GAG-----AACT-----AC-T-----AT-G-----T-----
FR13	2k	77	CC-----TCA-TCC-GAGG-G-----A-CT-----AC-C-----A-----T-----
FR18	2l	79	CC-CTCGT-GCC-GAGG-G-----GACT-T-----AC-T-----G-----T-----
T1	3a		-C-----T-A-----GG-G-----A-GAGA-TG-----TCC-----G-----
T9	3b		-C-----T-G-----AG-G-----T-----GAA-----G-----GCG-T-----A-----
PAK64	3g	81	-----T-G-----GG-G-----TA-ACG-----A-----A-----G-----A-----

58/74

T06050" BETTSB60

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4c		-----G-G-G-G-----AA-A-T-CCG-----A-A-----	
GB116	4c		-----G-G-G-G-----AGA-A-T-CCG-----A-A-----	
GB215	4c		-----G-G-G-G-----AA-TA-T-CCG-----A-A-----	
GB358	4c		-----G-G-G-G-----AA-A-T-CTG-----A-A-----	
GB809	4e		-----T-G-G-G-G-G-----AA-TA-AGCCG-----G-----	
GB549	4g		-C-C-----G-G-G-G-----AA-TG-ATCCG-----A-G-A	
BNL8	4k	83	-----G-G-G-G-----T-----AA-TT-T-CCG-----A-A	
BNL12	4l	85	-----G-R-G-G-----AAA-A-ATCCG-----A-----	
EG81	4m	87	-----T-G-G-G-AG-G-----AA-A-ATCCG-----G-----	
CHR18	5a		CA-TGT-T-GC-G-TG-G-G-T-----A-ACG-----A-----C-A	
VN13	7a	89	-C-A-GT-G-G-GC-----A-GACA-----CA-G-T-T-C	
VN4	7c	91	-C-CC-A-T-----GGTG-A-AA-T-T-CA-T-G-T-----	
VN12	7d	93	-C-CC-AT-A-T-GGT-----A-GAAA-----T-CA-T-T-----	
FR1	9a	95	CC-CC-G-----AG-G-----GAAA-----T-----T-----	
NE98	10a	97	CC-----A-GGA-G-G-TA-GAG-TG-A-CT-A-----G-----	
FR14	11a	99	C-----C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA-----T-A-G-G-A-----	
FR15	11a	101	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T-A-A-G-A-----	
FR19	11a	103	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A-A-G-A-----	

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	8032
HCV-J	1b	8081
BE90	1b	
BNL1	1d	53
BNL2	1d	55
FR17	1d	57
CAM1078	1e	61
FR2	1f	63
FR16	1g	67
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	69
FR4	2f	71
BNL5	2h	73
FR13	2k	77
FR18	2l	79
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	81

```

AGGCTTTATGTTGGGGCCCTCTTACCAATTCAGGGGGGAGAACTGCGG
C-----C-----T-C-G-T-----G-A-----C-----
C-----A-C-----T-C-G-T-----A-----C-----T-
C-----G-CA-C-----Y-A-----AA-AC-----
C-----G-C-C-----C-A-----A-----C-----
C-----G-A-C-----T-C-A-----C-----AA-C-----
-----G-C-C-----G-CT-G-----AA-----
-----A-C-----T-C-G-A-C-----AA-C-----
C-----A-----C-----C-----AA-AC-----
-----C-G-A-G-CA-GTT-----CAGC-A-----CC-C-----
-----C-A-A-G-CA-G-A-----CAGC-AA-----C-ATC-----
-----A-C-C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-ATC-----
-----C-G-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-TC-----
-----C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-A-----AC-TC-----
-----G-C-G-A-T-CA-GCAG-----CAGC-A-----C-ATC-----
-----A-C-CA-A-C-G-GA-G-TG-----CAGC-AA-----CC-TC-----T-
C-----CTGC-----A-GTT-----CAGC-A-----CCC-A-----T-
C-----G-CA-C-A-T-CA-GTA-----CAGT-A-----CTCC-G-----
C-----C-----A-T-CA-GTT-----CAGC-A-----CTC-A-----

```

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
GB48	4c		--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG----	
GB116	4c		--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG----	
GB215	4c		--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--AGC-AA-A--CCTG----	
GB358	4c		--A-C-C-G-C-T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG-T--	
GB809	4e		--A-C-C-G-C--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTT----	
GB549	4g		--A-C-C-G-C-T--CA-GTA--C-C-A--CCTA----	
BNL8	4k	83	--A-C-C-G-C--CA-GCA--CAGC-A--A--CCTT-T--	
BNL12	4l	85	--R-C-CT-G-C--CA-GTAT--CAGC-AA--CT----	
EG81	4m	87	--A-C-C-G-C-T--CA-GTTT--CAGC-A--A--CCTA-T--	
CHR18	5a		C-C-G-CTG--A--CA-GTAT--CAGC-A--C-AC-A-T--	
VN13	7a	89	C-AT-G-CTNC-T-T--CA-GTNT--C--T-AA-TC-GCA-T--	
VN4	7c	91	C--G-CTGC-W-G--CA-G-TG--C-CC-T-TC-ATCA-T--	
VN12	7d	93	C--G-CTGC-C--CA-GTA--C-TC-A-TC--TCA-T--	
FR1	9a	95	---C---C---A-GTA--C--A--CC-ACT--T--	
NE98	10a	97	C-----CTG---T-T--A-GTT--CAGC-A--AC-AC----	
FR14	11a	99	--A-A-C-G-C--GA-GGAA--CAGC-A--CC-GCT----	
FR15	11a	101	--A-A-C-G-C--GA-GGAA--CAGC-AA--CC-GC----	
FR19	11a	105	--A-A-C-G-C--GA-GGAA--CAGC-A--CC-GC----	

61/74

T06050" BETTS860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	8082	CTATCGCAGTGCCGCGGAGCGGCTACTGACAACTAGCTGTGGTAACA
HCV-J	1b	8131	T-----C-----A-T-----G-----G-----C-C-----
BE90	1b		-----C-A-----A-----G-----G-----C-----T-----
BNL1	1d	53	---C-TC-----C-----G-----G-----C-----C-----T-----
BNL2	1d	55	---TC-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----
FR17	1d	57	---C-TC-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----
CAM1078	1e	61	-----A-----T-----C-----CT-----C-----C-----T-----
FR2	1f	63	---C-----C-A-----T-----A-----C-----G-----C-----C-----
FR16	1g	67	-----C-----C-----T-----T-----G-----T-----C-----C-----
HC-J6	2a		G-CA-GC-T-----C-----G-----G-----T-----C-----ATG-G-----
HC-J8	2b		---CA-GC-T-----A-----T-----TT-----C-----C-----ATG-G-----T-----
BNL3	2e	69	A-CA-GCAT-----C-----A-----G-----C-----C-----TATG-G-----T-----
FR4	2f	71	A-CA-GC-T-----T-----A-----G-----C-----C-----TATG-G-----
BNL5	2h	73	T-CA-AC-T-----C-----A-----G-----C-----C-----ATG-G-----T-----
FR13	2k	77	A-CA-GC-C-----C-----G-----G-----C-----C-----ATG-G-----T-----
FR18	2l	79	A-CA-GC-T-----T-----C-----G-----GT-----C-----C-----ATG-C-----T-----
T1	3a		T-----C-----C-----T-----C-----T-----A-----C-----TC-----C-----
T9	3b		-----C-C-----C-----CT-----C-----T-----C-----TC-----C-----T-----
PAK64	3g	81	A-----C-T-----T-----T-----T-----C-----C-----AC-----T-----

62/74

T06050" BETTSE60

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4c		G---A-T---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB116	4c		G---A---T---CTAC-C-C---TC-G---	
GB215	4c		G---A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB358	4c		G---A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB809	4e		G---T-A---TAC-C-C---TC-G---	
GB549	4g		GC-A-G---G-CTAC-C-C---TC-G---	
BNL8	4k		G---G-A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
BNL12	4l	83	G---G---A---GTAC-C-A-T-TC-G---	
EG81	4m	85	--C---A---CTAC-C-C---TC-G---	
CHR18	5a	87	T---T-A---C---CT-C-C---TATG-C---	
VN13	7a	89	A-C-T---A-G-C-T---CT---C-C-T-CTG-CC-T-	
VN4	7c	91	A-C-T---A-C-T---G-C-C-G---TG-C-T-	
VN12	7d	93	G-C---G-T-T-T-CT-C-C-A---TG-C-	
FR1	9a	95	TC-A---C-A---A---A---CC-C-A---ATG---	
NE98	10a	97	T-C---C-C---T-T-T-G-G-AC-C-C---TC-G---	
FR14	11a	99	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR15	11a	101	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR19	11a	105	A-CA-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	

63/74

T06050" EETTS360

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	8132	CCCTCACTTGCTACATCAAGCCCGGCGAGCCTGTGAGCCGAGGGCTC
HCV-J	1b		-----A-T-----T-G-----ACT-G-----T-----AA-----
BE90	1b		-----T-A-T-----C-A-----TCT-----T-----T-GAA-----
BNL1	1d	53	-----G-A-----T-G-A-A-A-G-----T-----T-AA-----
BNL2	1d	55	-----A-----T-G-A-A-A-G-----T-----T-AA-----
FR17	1d	57	-----A-T-----T-G-A-A-A-G-----T-----T-AA-----
CAM1078	1e	61	-----C-----T-----TA-----A-----T-GAA-----
FR2	1f	63	-----C-T-----A-----A-----T-CAA-----
FR16	1g	67	-----A-----C-G-A-A-GCC-G-----T-GAA-----
HC-J6	2a		-----A-----TG-G-A-A-TTA-G-----T-AA-----
HC-J8	2b		-----A-G-A-T-----A-----TT-----G-AAG-T-----A-A
BNL3	2e	69	-----A-----G-----TA-G-T-----AA-A-----A-A
FR4	2f	71	-----A-----G-T-----TG-G-A-----TC-----T-AA-A-----AA-A
BNL5	2h	73	-----A-----A-----TG-G-----ATTA-T-----CAA-T-----CA-T
FR13	2k	77	-----T-----A-----T-G-----A-G-----CA-G-----G-CA-T
FR18	2l	79	-----A-----G-----TG-G-A-A-AT-----T-CA-----T-C-A-T
T1	3a		-----AA-----T-----ACA-G-----TGCAGAG-----C-----
T9	3b		-----AA-A-C-T-----ACT-----A-CA-G-T-G-T-----
PAK64	3g	81	-----AA-----C-----A-A-G-TGC-----T-G-C-T

095130 050901

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
GBB48	4c		-A-G-G-G-----C--A--TCA-C--TATCA--G-G----	
GBB116	4c		-A-G-G-G-----TC--A--TCA-C--TATCA--G-G----	
GBB215	4c		-A-G-G-G-----TC--A--TCA-C--ATCA-G-GT-----	
GBB358	4c		-A-G-G-G-----C--A--TCA-C--TATCA--G-G----	
GBB809	4e		-AA-G-G-G-----C-T-----TCA-----ATCA-G-T-G--A	
GBB549	4g		-TG-A-G-G-T--TC-----GTT-G--TAC-A-G-----T--G	
BNL8	4k		-A-G-G-G-----C--A--TCA-T--TAT-A--G-----G--G	
BNL12	4l		-AG-G-C-----TC-T-----ACC--TACCA-G-T-----C--A	
EG81	4m		-A-G-C-----C-----AC--C--TACCA--G-C-C--G--G	
CHR18	5a		-A-G-G-G-----T-----TTTA--CT-----A-----AA--	
VVN13	7a	89	-T--G-----T-G-A--T-A--G--A--CA--T--C-----G	
VN4	7c	91	---A--A-----TT-G-A--A-AA-----G--A-G--A--AA--	
VVN12	7d	93	--A-G-A-----C-G-----T-A--G--T--A-G--A--RAA--	
FR1	9a	95	--A-----A-----T-C-G-----AACC-C-T--C-----A-C-CT-T	
NE98	10a	97	-AA--C-T-----A--AAA-----TACCAA--T--C--AA-T	
FR14	11a	99	--A-G-----T-----A--TAAA-G-T--AA-----T--CA-T	
FR15	11a	101	--A-G-----T-----AAR-----T--AA--Y--T--CA-T	
FR19	11a	105	--A-G-----T-----A--AA--G-T--AA-----T--CA-T	

6 5 / 7 4

T06050" BET5860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	8182	CAGGACTGCACCATGCTCGTGTGCGGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA
HCV-J	1b	8231	-----G-----AAC--A-----C-T-----
BE90	1b		-----G-----C-G-----C-T-----
BNL1	1d	53	-G-----C-G-T-----C-T-----
BNL2	1d	55	-----G-----C-A-----C-T-----
FR17	1d	57	-----A-----C-A-----C-T-----
CAM1078	1e	61	-----C-----C-G-----G-----C-----
FR2	1f	63	-----T-A-----C-----C-T-----C-----
FR16	1g	67	-G--A-----A-----C-----C-C-----
HC-J6	2a		ATT-CGCC--A-----G-A-C-----T-----G-T-C-----CA-----
HC-J8	2b		GT-----CCTGTT--T-G-----A-----C-G-----C-----CA-----
BNL3	2e	69	GT--C-CC-----G-----C-----T-----C-----C-----CA-----
FR4	2f	71	GTT-C-CC--G-----G-----C-----T-----C-G-T-----C-----CA-----
BNL5	2h	73	GTT-CTCC--G-----G-T-----TC-G--A-C-----CA-----
FR13	2k	77	GTT-CACC--A-----G-----C-G-----C-----CA-----
FR18	2l	79	G-C-C-CC--A--T-G-A-----C-G-----C-----CA-----
T1	3a		-G-A--CCGGA-T-T--T--C-C-A--T--TC-G-----AG-GGC-----
T9	3b		A-A--CCAT-TT-C-T--C-C-A--T--T-G-G--G-A-C-----
PAK64	3g	81	--A--CCAT-AT-C-T--C-C-A--T--T-G-G--AG-GGC-----

6 6 / 7 4

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	8182	AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-T-C--GC--
GB116	4c		AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-T-C--TGC--
GB215	4c		AGA-----T-----G-C-A-----T-----C-G-----C-TGCC--
GB358	4c		AGA-----T-G-C-----T-T-----C-G-----C--GC--
GB809	4e		A-----T-----G-T-C-----T-----C-----G-GCC--
GB549	4g		A-A-GT-----G-----T-----A-----C-----C--
BNL8	4k	83	AGA-----G-T-C-----T-----G-----C--GC--
BNL12	4l	85	A-A-----G-C-C-----T-----G-----C--GCC--
EG81	4m	87	A-----T-----A-----G-T-C-G-----C-G-----C-GCA--
CHR18	5a		-----GC-C-G-----T-T-----TC-T-G-CC-T-C--
VN13	7a	89	A-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-T-----T-CG--
VN4	7c	91	A-AA-----ATGA-----T-A-C-C-A-----TC-----GCG--
VN12	7d	93	A-AA-----TTGA-----T-G-C-C-A-----C-----TGC--
FR1	9a	95	ACA-T-ATGA-----T-G-C-C-A-----T-G-T-CG-AAC--
NE98	10a	97	A-AA-TCCAT-AT-C-T-C-C-A-----T-----G-TGC--
FR14	11a	99	GTA-----CCGGTG-----C-T-----C-----G-C--CA--
FR15	11a	101	GTT-----CCGGTG-----C-----C-----G-C--CA--
FR19	11a	105	GTT-----CCAGTG-----C-----C-----G-C--CA--

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
HCV-1	1a		AAGCGCGGGGTCCAGGAGGACGCGCGGAGCCTGAGAGCC	
HCV-J	1b		G-T---AAC---T---GC---AC---	
BE90	1b		---AAC---A---A---AC---	
BNL1	1d	53	G-T---A-G---A---A---AC---T-	
BNL2	1d	55	G---A-G---A---A---AC---T-	
FR17	1d	57	G-T-R-A-G---T---A---AC---T-	
CAM1078	1e	61	G-T-TA-AC---T---A---C---	
FR2	1f	63	G-T-A---N---N---TC---T---	
FR16	1g	67	G-T-----T---T---A-----	
HC-J6	2a		G---CA---AC-G-----A-CG-A---	
HC-J8	2b		G---CAA-TAA-G-----A-CGA-A---	
BNL3	2e	69	G-TCA-A---G-----ACCG-A----	
FR4	2f	71	G-TCA---CTG-----A-CGA-A-----T-	
BNL5	2h	73	G-TCA---AAC-G-----T-A-CG-A-----T-	
FR13	2k	77	G-TCA---ACTG-AG-----A-AAC-A-----C-T	
FR18	2l	79	G-TCA---AC-G-----A-CGA-AT-----T-	
T1	3a		G---AT-C---G-T-----TAGA-AGC-----	
T9	3b		---TGC-C---G-----AGA-AGCT---C-----	
PAK64	3g	81	G-TTGC-KC-TG-T-----G-ATAG-GCAG-----	

6 8 / 7 4

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4C	8232	G---AT--C--AG-----AAACGACC---CG-----
GB116	4C	8271	-----AT--C--AG-----AAACGAGC---CG-----
GB215	4C		G---AT--C--AG-----AAACGAGC---CG---T-
GB358	4C		G---AT--C--TG-----AAACGAGC---CG-----
GB809	4e		G---GT--C--TG-----AAACGANC---CG---T-
GB549	4g		G---GC--C--AG-----T--AAGAGC---CC-----
BNL8	4k	83	G---AT--C--AG-----TAACCGAGC---CCN-----
BNL12	4l	85	G---A--C--AG-----TT-CCAACC---CC-----
EG81	4m	87	G---AT--C--GG-C-----CGCCGAGC---CCA---T
CHR18	5a		G---CA---ACG-C-----TAAA-----
VN13	7a	89	G-TTT-----TC-----A-TAGTGCA---C---T
VN4	7c	91	G-T-GA-A---TCT-----T-TT-ACGC---C---A
VN12	7d	93	G---GA-A---CT-----T-C-G-GC---C---T-
FR1	9a	95	G-T-T-A---A-C-----TATC---T-A---C-----
NE98	10a	97	G-T-A---A-G-T-----AA-AGCGC-T-----T
FR14	11a	99	---AA-----GG-----CA-CG-GA---AC---T-
FR15	11a	101	G---AA-----AG-----CA-CGAGA---AC
FR19	11a	105	---AA-----GG-----CAACGAGA---AC---NT-

69/74

T06050"8ETT5860

Figure 6. NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	2645	STVTESDIRTEEAIIQCDDLDPQARVAIKSLTERLYVGGPLNSRGCG
HCV-J	1b		-----N-----S-----A-E-Q-R-----K-Q-----
2TY4	1c		-----H-D-A-N-----K-----
BNL1	1d	54	-----N--V--S-----A-E-K-----I-X--K-Q-----
BNL2	1d	56	-----N--XS-----AXE-K-----K-Q-----
FR17	1d	58	-----N--V--S-----A-E-K-----I--K-Q-----
CAM1078	1e	62	-----A-----S-----H-E-----K-----K-Q-----
FR2	1f	64	-----S-----S-----E-K-R-----I--K-Q-----
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----A-E-----K-Q-----
HC-J6	2a		-----R-----S--RA-S-PEE-HT--H-----MF-K-QT-----
HC-J8	2b		-----R-----S--A-S-PQE-TV-H-----M--K-QS-----
ARG8	2c		-----S-S-PEE-T-H-----M--K-QS-----
NE92	2d		-----R-----S--LA-S-PE-T-H-----ML-K-QT-----
BNL3	2e	70	-----R-X--S--A-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR4	2f	72	-----R-----S--LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
BNL5	2h	74	-----A-R-----S--LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR13	2k	78	-----R--V--SV-LS-S-PEE-A-H-----MQ-K-QS-----
FR18	2l	80	-----R--N--S-FLA-S-PEE-TV-H-----I--MM-K-QS-----
BR34	3a		-----C-----MF-K-AQ-----
BR36	3a		-----C-----MF-K-AQ-----
BR33	3a		-----C-----MF-K-AQ-----
T9	3b		-----H-----E-----E-E-K-SA-----I--MY-K-LQ-----
PAK64	3g	82	-----Q--V-E-----E-E-R-----MF-K-LK-----

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

7 0 / 7 4

T06050" BETT5860

GB48	4C	----	K--V--EV--	----	E-E-K-TA--	----	MH--K-DL--
GB116	4C	----	K--V--EV--	----	E-E-R-TA--	----	MH--DL--
GB215	4C	----	K--V--EV--	----	E-E-KV-TA--	----	MH--K-DL--
GB358	4C	----	K--V--EV--	----	E-E-K-TA--	----	MH--K-DL--
GB809	4e	----	R--KV--EV--	----	E-E-KV-AA--	----	MH--K-DL--
CAMG22	4f	----	R--V--EV--	----	E-ET-KV-SA--	----	MH--DL--
GB549	4g	----	R--E--	----	E-E-KV-SA--	----	MY--K-DL--
GB438	4h	----	R--V--E--	----	E-E-KV-SA--	----	MY--K-DL--
CAR4/12054i		P----	R-X-V--EV--	----	N-EXDX-KV-NA--	----	MH--K-DL--
CAR1/501 4j		----	X-R--GEV--	----	E-E-KV-TA--	----	MF--K-DL--
EG13	4?		V	----	N-E-E-K-TA--	----	MH--K-DL--
BNL8	4k	84	----	K--P--EV--	----	E-E-KV-TA--	MH--K-DL--
BNL12	4l	86	----	K--V--E--	----	X-E-K-SA--X-L--	MY--K-L--
EG81	4m	88	----	R--V--EV--	----	E-E-K-SA--	MF--K-DL--
BE95	5a		----	H--M--S--S--	----	Q-E-A-R--Q--C--	MY--K-QQ--
CHR18	5a		----	H--M--S--S--	----	SLY-Q-E--R--Q--C--	MY--K-QQ--
VN13	7a	90	----	R-VQ--HD--	----	K-E-A-T--T--D--X--	MX--K-QA--
VN4	7c	92	----	R--X--HD--	----	Q--V-K-T--	CX--MM--QS--
VN12	7d	94	----	R--R--HD--	----	Q--V-K-T--	C--MY--QS--
FR1	9a	96	----	GR--XD--LS-Q--	----	E-K--	MY--K-QL--
NE98	10a	98	----	Q--V-LS-F-A--	----	KDE-RV-T--C--	MF--K-QH--
FR14	11a	100	----	R--S--LS-Q--	----	PEE-K--	ME--K-QA--
FR15	11a	102	----	R--S--XXA-Q--	----	PEE-K--	ME--K-QA--
FR19	11a	106	----	R--S--X-LA-Q--	----	PEE-K--	ME--K-QA--

71/74

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	2695	YRRCRASGVLTTSCGNTLTTCYIKARAACRAAGLQDCTMLVCGDDLVICE
HCV-J	1b		-----L--T-----K-----N-----
2TY4	1c		-----L-----R-----
BNL1	1d	54	-----L-----K-R-----
BNL2	1d	56	-----L-----K-----
FR11	1d	58	-----L-----K-----
CAM1078	1e	62	-----L-----K-----
FR2	1f	64	-----L-----K-----
FR16	1g	68	-----L-A-----K-RE-----
HC-J6	2a		-----M--I--V--L--K--IIAP-----S-
HC-J8	2b		-----F--M--M-----L--K--IV-PV-----S-
ARG8	2c		-----A--M--M-----V-----N--IVAP-----
NE92	2d		-----F--M--I--V--Q--K--IIAP-----S-
BNL3	2e	70	-----H-----M--I-----L--K--IVAP-----S-
FR4	2f	72	-----M-----M--I--V--L--K--IVAP-----S-
BNL5	2h	74	-----M-----M--I--V--L--K--IVAP-----I-S-
FR13	2k	78	-----M-----M--I--V--L--Q-----IVAP-----S-
FR18	2l	80	-----F--M--I--V--M-----IDAP-----S-
BR34	3a		-----P--F--I-----T--A-----RNPDE-----VA-
BR36	3a		-----P--F--I-----T--AK-----RSPDE-----VA-
BR33	3a		-----P--F--I-----T--AK-----RNPDE-----VA-
T9	3b		-----P--F--I-----K--S-----K-PSF-----VS-
PAK64	3g	82	-----P--Y--I-----A-----PSF-----VA-

7 2 / 7 4

T06050" BETTSB60

GB48	4C	Y--F--L--S--IK--R--A--
GB116	4C	Y--F--L--S--I--R--A--
GB215	4C	Y--F--L--S--I--S--Y--A--
GB358	4C	Y--F--L--S--I--R--A--
GB809	4e	Y--F--M--L--S--I--K--A--
CAMG22	4f	Y--F--FL--T--TK--K--A--
GB549	4g	Y--F--V--L--V--T--KG--S--
GB438	4h	Y--F--V--L--T--T--K--A--
CAR4/12054i		Y--F--L--T--T--K--A--
CAR1/501 4j		F--F--L--T--T--K--S--
EG13	4?	F--F--L--T--I--R--
BNL8	4k	Y--F--L--S--I--R--A--
BNL12	4l	Y--F--V--L--T--T--K--A--
EG81	4m	Y--F--L--T--T--K--A--
BE95	5a	F--M--M--L--S--R--R--L--A--
CHR18	5a	F--M--M--L--S--K--L--A--
VN13	7a	ILA--L--Q--K--FD--S--
VN4	7c	L--L--Q--K--KNYD--A--
VN12	7d	L--M--L--Q--XK--KNFD--A--
FR1	9a	P--M--I--FL--T--FT--YD--VT--
NE98	10a	P--F--I--K--TK--IKNPSF--A--
FR14	11a	F--L--M--K--K--IV--PV--S--
FR15	11a	F--L--M--X--KX--IV--PV--S--
FR19	11a	F--L--M--K--K--IV--PV--S--

84

86

88

90

92

94

96

98

100

102

106

73/74

T06050" BETTS860

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a		SAGVQEDDAASLRA	
HCV-J	1b		---T-----A---	
BE90	1b		---T-----V	
BNL1	1d	54	---E-----N---	
BNL2	1d	56	---E-----N--V	
FR17	1d	58	-X-E-----N--V	
CAM1078	1e	62	-V-T-----	
FR2	1f	64	IE-XX--PS	
FR16	1g	68	-----	
HC-J6	2a		-Q-TE--ERN---	
HC-J8	2b		-Q-NE--ERN---	
NE92	2d		-Q-TE--ERN---	
BNL3	2e	70	-Q-E--DRN-	
FR4	2f	72	-Q-AE--ERN--V	
BNL5	2h	74	-Q-TE--ERN--V	
FR13	2k	78	-Q-TER-ENN--P	
FR18	2l	80	-Q-TE--ERN--V	
BR34	3a			
BR36	3a			
BR33	3a			
T9	3b		-C--E--R-A---	
PAK64	3g	82	-CX-D-EDRAALR	

74/74

T06050" BETT5860

GB48	4c	-D--E--KRP-G-	
GB116	4c	-D--E--KRA-G-	
GB215	4c	-D--E--KRA-GV	
GB358	4c	-D--E--KRA-G-	
GB809	4e	-G--E--KRX-G-	
CAMG22	4f	-D--E--RRA-G-	
GB549	4g	-G--E--RA---	
GB438	4h	-G--E--RA---	
CAR4/12054i		-I-ID--KQA--T	
CAR1/501 4j		---E--PXTX-P	
BNL8	4k	-D--E--NRA-X-	84
BNL12	4l	-E--E--SQP---	86
EG81	4m	-D--D--RRA-Q-	88
BE95	5a	-Q-TH--E-----	
CHR18	5a	-Q-TH--K-----	
VN13	7a	-L--S--TSA---	90
VN4	7c	-G--S--VDA---	92
VN12	7d	-G--P--GA--V	94
FR1	9a	---N--I-N---	96
NE98	10a	---ID--KSA---	98
FR14	11a	-K--E--QRD--V	100
FR15	11a	-K--E--QRD-	102
FR19	11a	-K--E--QRD--	106